



⑮ **BUNDESREPUBLIK  
DEUTSCHLAND**



**DEUTSCHES  
PATENT- UND  
MARKENAMT**

⑫ **Offenlegungsschrift**  
⑩ **DE 102 19 203 A 1**

⑤① Int. Cl.<sup>7</sup>:  
**A 01 H 1/00**

⑳ Aktenzeichen: 102 19 203.0  
㉒ Anmeldetag: 29. 4. 2002  
㉔ Offenlegungstag: 13. 11. 2003

**DE 102 19 203 A 1**

⑦① **Anmelder:**

BASF Plant Science GmbH, 67065 Ludwigshafen,  
DE

⑦② **Erfinder:**

Cirpus, Petra, Dr., 68163 Mannheim, DE; Renz,  
Andreas, Dr., 67117 Limburgerhof, DE; Lerchl, Jens,  
Dr., Svalös, SE; Kuijpers, Anne-Marie, Dr., 67166  
Otterstadt, DE

**Die folgenden Angaben sind den vom Anmelder eingereichten Unterlagen entnommen**

Prüfungsantrag gem. § 44 PatG ist gestellt

⑤④ **Verfahren zur Herstellung mehrfach ungesättigter Fettsäuren in Pflanzen**

⑤⑦ Die vorliegende Erfindung betrifft ein Verfahren zur Herstellung von Fettsäureestern, die ungesättigte Fettsäuren mit mindestens drei Doppelbindungen enthalten, sowie freien ungesättigten Fettsäuren mit einem Gehalt von mindestens 1 Gew.-%, bezogen auf die gesamten in den Pflanzen enthaltenden Fettsäuren durch Expression mindestens einer Nukleinsäuresequenz, die für ein Polypeptid mit  $\Delta$ -6-Desaturaseaktivität codiert, und mindestens einer Nukleinsäuresequenz, die für ein Polypeptid mit  $\Delta$ -6-Elongaseaktivität codiert. Vorteilhaft können diese Nukleinsäuresequenzen gegebenenfalls zusammen mit einer dritten Nukleinsäuresequenz, die für ein Polypeptid mit  $\Delta$ -5-Desaturaseaktivität codiert, in der transgenen Pflanze exprimiert werden.

Die Erfindung betrifft weiterhin die Verwendung definierter Nukleinsäuresequenzen, die für Polypeptide mit einer  $\Delta$ -6-Desaturaseaktivität,  $\Delta$ -6-Elongaseaktivität oder  $\Delta$ -5-Desaturaseaktivität codieren, ausgewählt aus einer Gruppe von Nukleinsäuresequenzen bzw. die Verwendung von Nukleinsäurekonstrukten, enthaltend die vorgenannten Nukleinsäuresequenzen.

**DE 102 19 203 A 1**

**[0001]** Die vorliegende Erfindung betrifft ein Verfahren zur Herstellung von Fettsäureestern, die ungesättigte Fettsäuren mit mindestens drei Doppelbindungen enthalten, sowie freien ungesättigten Fettsäuren mit einem Gehalt von mindestens 1 Gew.-% bezogen auf die gesamten in der Pflanze enthaltenen Fettsäuren durch Expression mindestens einer Nukleinsäuresequenz, die für ein Polypeptid mit  $\Delta$ -6-Desaturaseaktivität codiert, und mindestens einer Nukleinsäuresequenz, die für ein Polypeptid mit  $\Delta$ -6-Elongaseaktivität codiert. Vorteilhaft können diese Nukleinsäuresequenzen gegebenenfalls zusammen mit einer dritten Nukleinsäuresequenz, die für ein Polypeptid mit  $\Delta$ -5-Desaturaseaktivität codiert, in der transgenen Pflanze exprimiert werden.

**[0002]** Die Erfindung betrifft weiterhin die Verwendung definierter Nukleinsäuresequenzen, die für Polypeptide mit einer  $\Delta$ -6-Desaturaseaktivität,  $\Delta$ -6-Elongaseaktivität oder  $\Delta$ -5-Desaturaseaktivität codieren ausgewählt aus einer Gruppe von Nukleinsäuresequenzen bzw. die Verwendung von Nukleinsäurekonstrukten enthalten die vorgenannten Nukleinsäuresequenzen.

**[0003]** Bestimmte Produkte und Nebenprodukte natürlich vorkommender Stoffwechselprozesse in mikrobiellen Zellen oder in den Zellen von Tieren und vorteilhaft Pflanzen sind für ein breites Spektrum an Industrien, einschließlich der Futtermittel-, Nahrungsmittel-, Kosmetik- und pharmazeutischen Industrie, nützlich. Zu diesen gemeinsam als "Feinchemikalien" bezeichneten Molekülen gehören auch Lipide und Fettsäuren, unter denen eine beispielhafte Klasse die mehrfach ungesättigten Fettsäuren sind. Mehrfach ungesättigte Fettsäuren (polyunsaturated fatty acids, PUFAs) werden beispielsweise Nahrungsmittel für Kinder zugegeben, um einen höheren Nährwert dieser Nahrungsmittel zu erzeugen. PUFAs haben zum Beispiel einen positiven Einfluss auf den Cholesterinspiegel im Blut von Menschen und eignen sich daher zum Schutz gegen Herzkrankheiten. Feinchemikalien wie mehrfach ungesättigte Fettsäuren (polyunsaturated fatty acids, PUFAs) lassen sich aus tierischen Quellen, wie beispielsweise Fisch, isolieren oder mit Mikroorganismen durch Züchtung von Mikroorganismen, die so entwickelt worden sind, dass sie große Mengen eines oder mehrerer gewünschter Moleküle produzieren und akkumulieren oder sezernieren, im großen Maßstab herstellen.

**[0004]** Fettsäuren und Triglyceride haben eine Vielzahl von Anwendungen in der Lebensmittelindustrie, der Tierernährung, der Kosmetik und im Pharmabereich. Je nachdem ob es sich um freie gesättigte oder ungesättigte Fettsäuren oder um Triglyceride mit einem erhöhten Gehalt an gesättigten oder ungesättigten Fettsäuren handelt, sind sie für die unterschiedlichsten Anwendungen geeignet. Mehrfach ungesättigte  $\Omega$ -3-Fettsäuren und  $\Omega$ -6-Fettsäuren stellen dabei einen wichtigen Bestandteil der tierischen und menschlichen Nahrung dar. Aufgrund der heute üblichen Zusammensetzung der menschlichen Nahrung ist ein Zusatz von mehrfach ungesättigten  $\Omega$ -3-Fettsäuren, die bevorzugt in Fischölen vorkommen, zur Nahrung besonders wichtig. So werden beispielsweise mehrfach ungesättigte Fettsäuren wie Docosahexaensäure (= DHA, C22:6 <sup>$\Delta$ 4,7,10,13,16,19</sup>) oder Eicosapentaensäure (= EPA, C20:5 <sup>$\Delta$ 5,8,11,14,17</sup>) Babynahrung zur Erhöhung des Nährwertes zugesetzt. Der DHA wird dabei ein positiver Effekt auf die Entwicklung des Gehirns zugeschrieben.

**[0005]** Hauptsächlich werden die verschiedenen Fettsäuren und Triglyceride aus Mikroorganismen wie *Mortierella* oder aus Ölproduzierenden Pflanzen wie Soja, Raps, Sonnenblume, Algen wie *Cryptocodium* oder *Phaeodactylum* und weiteren gewonnen, wobei sie in der Regel in Form ihrer Triacylglyceride (= Triglyceride = Triglycerole) anfallen. Sie können aber auch aus Tieren wie z. B. Fischen gewonnen werden. Die freien Fettsäuren werden vorteilhaft durch Verseifung hergestellt. Höhere mehrfach ungesättigte Fettsäuren wie DHA, EPA, Arachidonsäure (= ARA, C20:4 <sup>$\Delta$ 5,8,11,14</sup>), Dihomo- $\gamma$ -linolensäure (C20:3 <sup>$\Delta$ 8,11,14</sup>) oder Docosapentaensäure (DPA, C22:5 <sup>$\Delta$ 7,10,13,16,19</sup>) lassen sich nicht aus Ölfrüchtpflanzen wie Raps, Soja, Sonnenblume, Färberdistel oder anderen isolieren. Übliche natürliche Quellen für diese Fettsäuren sind Fische wie Hering, Lachs, Sardine, Goldbarsch, Aal, Karpfen, Forelle, Heilbutt, Makrele, Zander oder Thunfisch oder Algen.

**[0006]** Je nach Anwendungszweck sind Öle mit gesättigten oder ungesättigten Fettsäuren bevorzugt, so sind z. B. in der humanen Ernährung Lipide mit ungesättigten Fettsäuren speziell mehrfach ungesättigten Fettsäuren bevorzugt. Den mehrfach ungesättigten  $\Omega$ -3-Fettsäuren wird dabei ein positiver Effekt auf den Cholesterinspiegel im Blut und damit auf die Möglichkeit der Prävention einer Herzerkrankung zugeschrieben. Durch Zugabe dieser  $\Omega$ -3-Fettsäuren zu Nahrung kann das Risiko einer Herzerkrankung, eines Schlaganfalls oder von Bluthochdruck deutlich verringert werden. Auch entzündliche speziell chronisch entzündliche Prozesse im Rahmen immunologischer Erkrankungen wie rheumatoide Arthritis lassen sich durch  $\Omega$ -3-Fettsäuren positiv beeinflussen. Sie werden deshalb Lebensmitteln speziell diätischen Lebensmitteln zugegeben oder finden in Medikamenten Anwendung.

**[0007]**  $\Omega$ -6-Fettsäuren wie Arachidonsäure haben bei diesen rheumatischen Erkrankungen aufgrund unserer üblichen Nahrungsmittelzusammensetzung eher einen negativen Effekt auf diese Krankheiten.

**[0008]**  $\Omega$ -3- und  $\Omega$ -6-Fettsäuren sind Vorläufer von Gewebshormonen, den sogenannten Eicosanoiden wie den Prostaglandinen, die sich von der Dihomo- $\gamma$ -linolensäure, der Arachidonsäure und der Eicosapentaensäure ableiten, den Thromboxanen und Leukotrienen, die sich von der Arachidonsäure und der Eicosapentaensäure ableiten. Eicosanoide (sog. PG<sub>2</sub>-Serie), die aus  $\Omega$ -6-Fettsäuren gebildet werden fördern in der Regel Entzündungsreaktionen, während Eicosanoide (sog. PG<sub>3</sub>-Serie) aus  $\Omega$ -3-Fettsäuren geringe oder keine entzündungsfördernde Wirkung haben.

**[0009]** Aufgrund ihrer positiven Eigenschaften hat es in der Vergangenheit nicht an Ansätzen gefehlt, Gene, die an der Synthese von Fettsäuren bzw. Triglyceriden beteiligt sind, für die Herstellung von Ölen in verschiedenen Organismen mit geändertem Gehalt an ungesättigten Fettsäuren verfügbar zu machen. So wird in WO 91/13972 und seinem US-Äquivalent eine  $\Delta$ -9-Desaturase beschrieben. In WO 93/11245 wird eine  $\Delta$ -15-Desaturase in WO 94/11516 wird eine  $\Delta$ -12-Desaturase beansprucht. Weitere Desaturasen werden beispielsweise in EP-A-0 550 162, WO 94/18337, WO 97/30582, WO 97/21340, WO 95/18222, EP-A-0 794 250, Stucky et al., J. Biol. Chem., 265, 1990: 20144–20149, Wada et al., Nature 347, 1990: 200–203 oder Huang et al., Lipids 34, 1999: 649–659 beschrieben. Die biochemische Charakterisierung der verschiedenen Desaturasen ist jedoch bisher nur unzureichend erfolgt, da die Enzyme als membrangebundene Proteine nur sehr schwer zu isolieren und zu charakterisieren sind (McKeon et al., Methods in Enzymol. 71, 1981: 12141–12147, Wang et al., Plant Physiol. Biochem., 26, 1988: 777–792). In der Regel erfolgt die Charakterisierung membrangebundener Desaturasen durch Einbringung in einen geeigneten Organismus, der anschließend auf En-

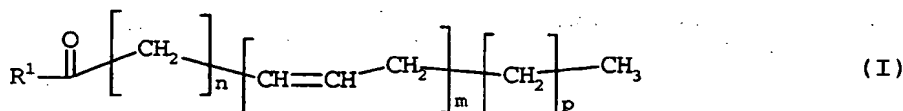
zymaktivität mittels Edukt- und Produktanalyse untersucht wird.  $\Delta$ -6-Desaturasen werden in WO 93/06712, US 5,614,393, US 5614393, WO 96/21022, WO 00/21557 und WO 99/27111 beschrieben und auch die Anwendung zur Produktion in transgenen Organismen beschrieben wie in WO 98/46763 WO 98/46764, WO 98/46765. Dabei wird auch die Expression verschiedener Desaturasen wie in WO 99/64616 oder WO 98/46776 und Bildung polyungesättigter Fettsäuren beschrieben und beansprucht. Bzgl. der Effektivität der Expression von Desaturasen und ihren Einfluss auf die Bildung polyungesättigter Fettsäuren ist anzumerken, dass durch Expression einer einzelnen Desaturase wie bisher beschrieben lediglich geringe Gehalte an  $\Delta$ -6-ungesättigten Fettsäuren/Lipiden wie z. B. gamma-Linolensäure und Stearidonsäure erreicht wurden. Weiterhin wurde in der Regel ein Gemisch aus  $\omega$ 3 und  $\omega$ 6 Fettsäuren erhalten, da alle bisher beschriebenen  $\Delta$ -6-Desaturasen zum Beispiel Linolsäure ( $\omega$ -6-Fettsäure) als auch  $\alpha$ -Linolensäure ( $\omega$ -3-Fettsäure) umsetzen.

[0010] Besonders geeignete Mikroorganismen zur Herstellung von PUFAs sind Mikroorganismen wie Thraustochytrien oder Schizochytrien-Stämme, Algen wie Phaeodactylum tricornutum oder Crypthecodinium-Arten, Ciliaten, wie Stylonychia oder Colpidium, Pilze, wie Mortierella, Entomophthora oder Mucor. Durch Stammselektion ist eine Anzahl von Mutantenstämmen der entsprechenden Mikroorganismen entwickelt worden, die eine Reihe wünschenswerter Verbindungen, einschließlich PUFAs, produzieren. Die Mutation und Selektion von Stämmen mit verbesserter Produktion eines bestimmten Moleküls wie den mehrfach ungesättigten Fettsäuren ist jedoch ein zeitraubendes und schwieriges Verfahren. Deshalb werden, wenn immer möglich wie oben beschrieben gentechnologische Verfahren bevorzugt. Mit Hilfe der vorgenannten Mikroorganismen lassen sich jedoch nur begrenzte Mengen der gewünschten mehrfach ungesättigten Fettsäuren wie DPA, EPA oder ARA herstellen. Wobei diese in der Regel je nach verwendeten Mikroorganismus als Fettsäuregemische aus beispielsweise EPA, DPA und DHA anfallen.

[0011] Alternativ kann die Produktion von Feinchemikalien geeigneterweise über die Produktion in Pflanzen, die so entwickelt sind, dass sie die vorstehend genannten PUFAs herstellen, im großen Maßstab durchgeführt werden. Besonders gut für diesen Zweck geeignete Pflanzen sind Ölruchtpflanzen, die große Mengen an Lipidverbindungen enthalten wie Raps, Canola, Lein, Soja, Sonnenblumen, Borretsch und Nachtkerze. Aber auch andere Nutzpflanzen, die Öle oder Lipide und Fettsäuren enthalten, sind gut geeignet, wie in der eingehenden Beschreibung dieser Erfindung erwähnt. Mittels herkömmlicher Züchtung ist eine Reihe von Mutantpflanzen entwickelt worden, die ein Spektrum an wünschenswerten Lipiden und Fettsäuren, Cofaktoren und Enzymen produzieren. Die Selektion neuer Pflanzensorten mit verbesserter Produktion eines bestimmten Moleküls ist jedoch ein zeitaufwändiges und schwieriges Verfahren oder sogar unmöglich, wenn die Verbindung in der entsprechenden Pflanze nicht natürlich vorkommt, wie im Fall von mehrfach ungesättigten  $C_{18}$ -,  $C_{20}$ -Fettsäuren und  $C_{22}$ -Fettsäuren und solchen mit längeren Kohlenstoffketten.

[0012] Aufgrund der positiven Eigenschaften ungesättigter Fettsäuren hat es in der Vergangenheit nicht an Ansätzen gefehlt, diese Gene, die an der Synthese von Fettsäuren bzw. Triglyceriden beteiligt sind, für die Herstellung von Ölen in verschiedenen Pflanzen mit einem geänderten Gehalt an mehrfach ungesättigten Fettsäuren verfügbar zu machen. Bisher konnten jedoch länger-kettige mehrfach ungesättigte  $C_{20}$ - und/oder  $C_{22}$ -Fettsäuren wie EPA oder ARA nicht in Pflanzen hergestellt werden.

[0013] Es bestand daher die Aufgabe ein Verfahren zur Herstellung von mehrfach ungesättigten Fettsäureestern und/oder freien mehrfach ungesättigten Fettsäuren mit mindestens drei Doppelbindungen im Fettsäuremolekül zu entwickeln. Diese Aufgabe wurde durch das erfindungsgemäße Verfahren zur Herstellung von Verbindungen der allgemeinen Formel I:



in transgenen Pflanzen mit einem Gehalt von mindestens 1 Gew.-% bezogen auf die gesamten Fettsäuren dadurch gekennzeichnet, dass das Verfahren folgende Schritte umfasst:

- Einbringen mindestens einer Nukleinsäuresequenz in eine Pflanze, die für ein Polypeptid mit einer  $\Delta$ -6-Desaturaseaktivität codiert; sowie
- Einbringen mindestens einer zweiten Nukleinsäuresequenz, die für ein Polypeptid mit einer  $\Delta$ -6-Elongaseaktivität codiert; und
- gegebenenfalls Einbringen einer dritten Nukleinsäuresequenz, die für ein Polypeptid mit einer  $\Delta$ -5-Desaturaseaktivität codiert;
- anschließend kultivieren und Ernten der Pflanzen; und

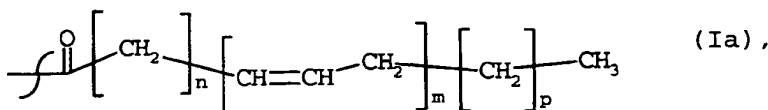
wobei die Variablen und Substituenten in der Formeln I folgende Bedeutung haben:

$R^1$  = -OH, Coenzym A-(Thioester), Phosphatidylcholin-, Phosphatidylethanolamin-, Phosphatidylglycerol-, Diphosphatidylglycerol-, Phosphatidylserin-, Phosphatidylinositol-, Sphingolipid-, Glycosphingolipid- oder einen Rest der folgenden allgemeinen Formel II



$R^2$  = H, Phosphatidylcholin-, Phosphatidylethanolamin-, Phosphatidylglycerol-, Diphosphatidylglycerol-, Phosphatidyl-

serin-, Phosphatidylinositol-, Shingolipid-, Glycoshingolipid-, Glycoshingolipid- oder gesättigtes oder ungesättigtes C<sub>2</sub>-C<sub>24</sub>-Alkylcarbonyl-,  
 R<sup>3</sup> = H, gesättigtes oder ungesättigtes C<sub>2</sub>-C<sub>24</sub>-Alkylcarbonyl-, oder  
 R<sup>2</sup> und R<sup>3</sup> unabhängig voneinander einen Rest der allgemeinen Formel Ia



n = 3, 4 oder 6, m = 3, 4 oder 5 und p = 0 oder 3, bevorzugt bedeutet n = 3, m = 4 oder 5 und p = 0 oder 3.

[0014] R<sup>1</sup> bezeichnet in den Verbindungen der Formel I -OH (Hydroxyl-), AcetylCoenzym A-, Phosphatidylcholin-, Phosphatidylethanolamin-, Phosphatidylglycerol-, Diphosphatidylglycerol-, Phosphatidylserin-, Phosphatidylinositol-, Sphingolipid-, Glycoshingolipid- oder einen Rest der folgenden allgemeinen Formel II



[0015] Die vorgenannten Reste für R<sup>1</sup> sind jeweils als Ester bzw. Thioester an die Verbindungen der allgemeinen Formel I gebunden.

[0016] R<sup>2</sup> bezeichnet in den Verbindungen der Formel II Wasserstoff, Phosphatidylcholin-, Phosphatidylethanolamin-, Phosphatidylglycerol-, Diphosphatidylglycerol-, Phosphatidylserin-, Phosphatidylinositol-, Shingolipid-, Glycoshingolipid-, Glycoshingolipid- oder gesättigtes oder ungesättigtes C<sub>2</sub>-C<sub>24</sub>-Alkylcarbonyl-.

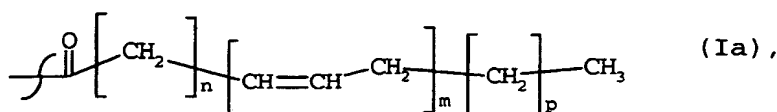
[0017] Als ungesättigtes oder gesättigtes C<sub>2</sub>-C<sub>22</sub>-Alkylcarbonyl- seien Reste wie Ethylcarbonyl-, n-Propylcarbonyl-, n-Butylcarbonyl-, n-Pentylcarbonyl-, n-Hexylcarbonyl-, n-Heptylcarbonyl-, n-Octylcarbonyl-, n-Nonylcarbonyl-, n-Decylcarbonyl-, n-Undecylcarbonyl-, n-Dodecylcarbonyl-, n-Tridecylcarbonyl-, n-Tetradecylcarbonyl-, n-Pentadecylcarbonyl-, n-Hexadecylcarbonyl-, n-Heptadecylcarbonyl-, n-Octadecylcarbonyl-, n-Nonadecylcarbonyl-, n-Eicosylcarbonyl-, n-Docosanylcarbonyl- oder n-Tetracosanylcarbonyl-, die ein oder mehrere Doppelbindungen enthalten können. Bevorzugt sind gesättigte oder ungesättigte C<sub>10</sub>-C<sub>22</sub>-Alkylcarbonylreste wie n-Decylcarbonyl-, n-Undecylcarbonyl-, n-Dodecylcarbonyl-, n-Tridecylcarbonyl-, n-Tetradecylcarbonyl-, n-Pentadecylcarbonyl-, n-Hexadecylcarbonyl-, n-Heptadecylcarbonyl-, n-Octadecylcarbonyl-, n-Nonadecylcarbonyl-, n-Eicosylcarbonyl-, n-Docosanylcarbonyl- oder n-Tetracosanylcarbonyl-, die ein oder mehrere Doppelbindungen enthalten. Besonders bevorzugt sind gesättigte oder ungesättigte C<sub>10</sub>-C<sub>22</sub>-Alkylcarbonylreste wie C<sub>10</sub>-Alkylcarbonyl-, C<sub>11</sub>-Alkylcarbonyl-, C<sub>12</sub>-Alkylcarbonyl-, C<sub>13</sub>-Alkylcarbonyl-, C<sub>14</sub>-Alkylcarbonyl-, C<sub>16</sub>-Alkylcarbonyl-, C<sub>18</sub>-Alkylcarbonyl-, C<sub>20</sub>-Alkylcarbonyl-, C<sub>22</sub>-Alkylcarbonyl- oder C<sub>24</sub>-Alkylcarbonyl-Reste, die ein oder mehrere Doppelbindungen enthalten. Ganz besonders bevorzugt sind gesättigte oder ungesättigte C<sub>16</sub>-C<sub>22</sub>-Alkylcarbonylreste wie C<sub>16</sub>-Alkylcarbonyl-, C<sub>18</sub>-Alkylcarbonyl-, C<sub>20</sub>-Alkylcarbonyl- oder C<sub>22</sub>-Alkylcarbonyl-Reste, die ein oder mehrere Doppelbindungen enthalten. Bevorzugt enthalten die genannten Reste zwei, drei, vier oder fünf Doppelbindungen. Besonders bevorzugt enthalten die Reste drei, vier oder fünf Doppelbindungen. Ganz besonders bevorzugt sind C<sub>18</sub>-Alkylcarbonylreste, die eine, zwei, drei oder vier Doppelbindungen enthalten, und C<sub>20</sub>-Alkylcarbonylreste, die drei, vier oder fünf Doppelbindungen enthalten. Alle genannten Reste leiten sich von den entsprechenden Fettsäuren ab.

[0018] R<sup>3</sup> bezeichnet in den Verbindungen der Formel II Wasserstoff, gesättigtes oder ungesättigtes C<sub>2</sub>-C<sub>24</sub>-Alkylcarbonyl-.

[0019] Als ungesättigtes oder gesättigtes C<sub>2</sub>-C<sub>22</sub>-Alkylcarbonyl- seien Reste wie Ethylcarbonyl-, n-Propylcarbonyl-, n-Butylcarbonyl-, n-Pentylcarbonyl-, n-Hexylcarbonyl-, n-Heptylcarbonyl-, n-Octylcarbonyl-, n-Nonylcarbonyl-, n-Decylcarbonyl-, n-Undecylcarbonyl-, n-Dodecylcarbonyl-, n-Tridecylcarbonyl-, n-Tetradecylcarbonyl-, n-Pentadecylcarbonyl-, n-Hexadecylcarbonyl-, n-Heptadecylcarbonyl-, n-Octadecylcarbonyl-, n-Nonadecylcarbonyl-, n-Eicosylcarbonyl-, n-Docosanylcarbonyl- oder n-Tetracosanylcarbonyl-, die ein oder mehrere Doppelbindungen enthalten können. Bevorzugt sind gesättigte oder ungesättigte C<sub>10</sub>-C<sub>22</sub>-Alkylcarbonylreste wie n-Decylcarbonyl-, n-Undecylcarbonyl-, n-Dodecylcarbonyl-, n-Tridecylcarbonyl-, n-Tetradecylcarbonyl-, n-Pentadecylcarbonyl-, n-Hexadecylcarbonyl-, n-Heptadecylcarbonyl-, n-Octadecylcarbonyl-, n-Nonadecylcarbonyl-, n-Eicosylcarbonyl-, n-Docosanylcarbonyl- oder n-Tetracosanylcarbonyl-, die ein oder mehrere Doppelbindungen enthalten. Besonders bevorzugt sind gesättigte oder ungesättigte C<sub>10</sub>-C<sub>22</sub>-Alkylcarbonylreste wie C<sub>10</sub>-Alkylcarbonyl-, C<sub>11</sub>-Alkylcarbonyl-, C<sub>12</sub>-Alkylcarbonyl-, C<sub>13</sub>-Alkylcarbonyl-, C<sub>14</sub>-Alkylcarbonyl-, C<sub>16</sub>-Alkylcarbonyl-, C<sub>18</sub>-Alkylcarbonyl-, C<sub>20</sub>-Alkylcarbonyl-, C<sub>22</sub>-Alkylcarbonyl- oder C<sub>24</sub>-Alkylcarbonyl-Reste, die ein oder mehrere Doppelbindungen enthalten. Ganz besonders bevorzugt sind gesättigte oder ungesättigte C<sub>16</sub>-C<sub>22</sub>-Alkylcarbonylreste wie C<sub>16</sub>-Alkylcarbonyl-, C<sub>18</sub>-Alkylcarbonyl-, C<sub>20</sub>-Alkylcarbonyl- oder C<sub>22</sub>-Alkylcarbonyl-Reste, die ein oder mehrere Doppelbindungen enthalten. Bevorzugt enthalten die genannten Reste zwei, drei, vier oder fünf Doppelbindungen. Besonders bevorzugt enthalten die Reste drei, vier oder fünf Doppelbindungen. Ganz besonders bevorzugt sind C<sub>18</sub>-Alkylcarbonylreste, die eine, zwei, drei oder vier Doppelbindungen enthalten, und C<sub>20</sub>-Alkylcarbonylreste, die drei, vier oder fünf Doppelbindungen enthalten. Alle genannten Reste leiten sich von den entsprechenden Fettsäuren ab.

[0020] R<sup>2</sup> und R<sup>3</sup> bezeichnen weiterhin in den Verbindungen der Formel II unabhängig voneinander einen Rest der allgemeinen Formel Ia





wobei  $n = 3, 4$  oder  $6$ ,  $m = 3, 4$  oder  $5$  und  $p = 0$  oder  $3$  bedeutet, bevorzugt bedeutet  $n = 3$ ,  $m = 4$  oder  $5$  und  $p = 0$  oder  $3$ .

[0021] Die vorgenannten Reste  $R^1$ ,  $R^2$  und  $R^3$  können auch Substituenten wie Hydroxyl- oder Epoxigruppen tragen oder auch Dreifachbindungen enthalten.

[0022] Bei den im erfindungsgemäßen Verfahren verwendeten Nukleinsäuresequenzen handelt es sich um isolierte Nukleinsäuresequenzen, die für Polypeptide mit  $\Delta$ -5-,  $\Delta$ -6-Desaturase- oder  $\Delta$ -6-Elongaseaktivität codieren.

[0023] Die im Verfahren hergestellten Verbindungen der Formel I enthalten vorteilhaft eine Mischung aus unterschiedlichen Resten  $R^1$ ,  $R^2$  oder  $R^3$ , die sich von unterschiedlichen Glyceriden ableiten lassen. Weiterhin lassen sich die vorgenannten Reste von verschiedenen Fettsäuren wie kurzkettigen Fettsäuren mit 4 bis 6 C-Atomen, mittelkettigen Fettsäuren mit 8 bis 12 C-Atomen oder langkettigen Fettsäuren mit 14 bis 24 C-Atomen ableiten, bevorzugt sind die langkettigen Fettsäuren.

[0024] Im erfindungsgemäßen Verfahren werden vorteilhaft Fettsäureester (= Verbindungen der Formel I) mit mehrfach ungesättigten  $C_{18}$ -,  $C_{20}$ - und/oder  $C_{22}$ -Fettsäuremolekülen mit mindestens zwei Doppelbindungen im Fettsäureester hergestellt. Bevorzugt enthalten diese Fettsäuremoleküle drei, vier oder fünf Doppelbindungen und führen vorteilhaft zur Synthese von  $\gamma$ -Linolensäure (= GLA,  $C_{18}:3^{46,9,12}$ ), Stearidonsäure (= SDA,  $C_{18}:4^{46,9,12,15}$ ), Dihomo- $\gamma$ -Linolensäure (= DGLA,  $20:3^{48,11,14}$ ), Eicosatetraensäure (= ETA,  $C_{20}:4^{45,8,11,14}$ ), Arachidonsäure (ARA), Eicosapentaensäure (EPA) oder deren Mischungen, bevorzugt EPA und/oder ARA.

[0025] Die Fettsäureester mit mehrfach ungesättigten  $C_{18}$ -,  $C_{20}$ - und/oder  $C_{22}$ -Fettsäuremolekülen können aus den Organismen, die für die Herstellung der Fettsäureester verwendet wurden, in Form eines Öls oder Lipids beispielsweise in Form von Verbindungen wie Sphingolipide, Phosphoglyceride, Lipide, Glycolipide wie Glycosphingolipid, Phospholipide wie Phosphatidylethanolamin, Phosphatidylcholin, Phosphatidylserin, Phosphatidylglycerol, Phosphatidylinositol oder Diphosphatidylglycerol, Monoacylglyceride, Diacylglyceride, Triacylglyceride oder sonstige Fettsäureester wie die AcetylCoenzymA-Ester, die die mehrfach ungesättigten Fettsäuren mit mindestens zwei bevorzugt drei Doppelbindungen enthalten, isoliert werden. Neben diesen Estern sind die mehrfach ungesättigten Fettsäuren auch als freie Fettsäuren oder gebunden in anderen Verbindungen in den Pflanzen enthalten. In der Regel liegen die verschiedenen vorgenannten Verbindungen (Fettsäureester und frei Fettsäuren) in der Pflanze in einer ungefähren Verteilung von 80 bis 90 Gew.-% Triglyceride, 2 bis 5 Gew.-% Diglyceride, 5 bis 10 Gew.-% Monoglyceride, 1 bis 5 Gew.-% freie Fettsäuren, 2 bis 8 Gew.-% Phospholipide vor, wobei sich die Summe der verschiedenen Verbindungen zu 100 Gew.-% ergänzt.

[0026] Im erfindungsgemäßen Verfahren werden die Verbindungen der allgemeinen Formel I mit einem Gehalt von mindestens 1 Gew.-%, vorteilhaft von mindestens 2 Gew.-%, bevorzugt von mindestens 3 Gew.-%; besonders bevorzugt von mindestens 5 Gew.-%, ganz besonders bevorzugt von mindestens 10 Gew.-% bezogen auf die gesamten Fettsäuren in der transgenen Pflanze hergestellt. Da im erfindungsgemäßen Verfahren von den Ausgangsverbindungen Linolsäure ( $C_{18}:2$ ) bzw. Linolensäure ( $C_{18}:3$ ) mehrere Reaktionsschritte durchlaufen werden, fallen die Endprodukte des Verfahrens wie beispielsweise Arachidonsäure (ARA) oder Eicosapentaensäure (EPA) nicht als Reinprodukte an, es sind immer auch geringe Spuren der Vorstufen im Endprodukt enthalten. Sind in der Ausgangspflanze sowohl Linolsäure als auch Linolensäure vorhanden, so liegen die Endprodukte wie ARA und EPA als Mischungen vor. Die Vorstufen sollten vorteilhaft nicht mehr als 20 Gew.-%, bevorzugt nicht mehr als 15 Gew.-%, besonders bevorzugt nicht als 10 Gew.-%, ganz besonders bevorzugt nicht mehr als 5 Gew.-% bezogen auf die Menge des jeweiligen Endprodukts betragen. Vorteilhaft werden in einer transgenen Pflanze als Endprodukte nur ARA oder nur EPA im erfindungsgemäßen Verfahren gebunden oder als freie Säuren (siehe Verbindungen der allgemeinen Formel I) hergestellt. Werden beide Verbindungen (ARA + EPA) gleichzeitig hergestellt, werden sie vorteilhaft in einem Verhältnis von mindesten 1 : 2 (EPA : ARA), vorteilhaft von mindestens 1 : 3, bevorzugt von 1 : 4, besonders bevorzugt von 1 : 5 hergestellt.

[0027] Als Organismus für die Herstellung im erfindungsgemäßen Verfahren kommen prinzipiell alle Pflanzen wie Moose, Algen, zweikeimblättrige oder eikeimblättrige Pflanzen in Frage. Vorteilhaft werden Organismen im erfindungsgemäßen Verfahren verwendet, die zu den Öl-produzierenden Organismen gehören, das heißt die für die Herstellung von Ölen verwendet werden, wie Algen wie *Cryptocodinium*, *Phaeodactylum* oder Pflanzen, insbesondere Pflanzen bevorzugt Ölfruchtpflanzen, die große Mengen an Lipidverbindungen enthalten, wie Erdnuss, Raps, Canola, Sonnenblume, Safflor (Färberdistel), Mohn, Senf, Hanf, Rhizinus, Olive, Sesam, Calendula, Punic, Nachtkerze, Königskerze, Distel, Wildrosen, Haselnuss, Mandel, Macadamia, Avocado, Lorbeer, Kürbis, Lein, Soja, Pistazien, Borretsch, Bäume (Ölpalme, Kokosnuss oder Walnuss) oder Feldfrüchte, wie Mais, Weizen, Roggen, Hafer, Triticale, Reis, Gerste, Baumwolle, Maniok, Pfeffer, Tagetes, Solanaceen-Pflanzen, wie Kartoffel, Tabak, Aubergine und Tomate, Vicia-Arten, Erbse, Alfalfa oder Buschpflanzen (Kaffee, Kakao, Tee), Salix-Arten sowie ausdauernde Gräser und Futterfeldfrüchte. Bevorzugte erfindungsgemäße Pflanzen sind Ölfruchtpflanzen, wie Erdnuss, Raps, Canola, Sonnenblume, Safflor (Färberdistel), Mohn, Senf, Hanf, Rhizinus, Olive, Calendula, Punic, Nachtkerze, Kürbis, Lein, Soja, Borretsch, Bäume (Ölpalme, Kokosnuss). Besonders bevorzugt sind  $C_{18}:2$ - und/oder  $C_{18}:3$ -Fettsäure reiche Pflanzen wie Sonnenblume, Färberdistel, Tabak, Königskerze, Sesam, Baumwolle, Kürbis, Mohn, Nachtkerze, Walnuss, Lein, Hanf, Distel oder Färberdistel. Ganz besonders bevorzugt sind Pflanzen wie Färberdistel, Sonnenblume, Mohn, Nachtkerze, Walnuss, Lein oder Hanf.

[0028] Durch die enzymatische Aktivität der im erfindungsgemäßen Verfahren verwendeten Nukleinsäuren, die für Polypeptide mit  $\Delta$ -5-,  $\Delta$ -6-Desaturase- oder  $\Delta$ -6-Elongaseaktivität codieren, können unterschiedliche Verbindungen der Formel I hergestellt werden.

[0029] Je nach Auswahl der für das erfindungsgemäße Verfahren verwendeten Pflanze lassen sich Mischungen der verschiedenen Verbindungen der allgemeinen Formel I oder einzelne Verbindungen wie EPA oder ARA in freier oder ge-

bundener Form herstellen. Je nachdem welche Fettsäurezusammensetzung in der Ausgangspflanze vorherrscht (C18:2- oder C18:3-Fettsäuren) entstehen so Verbindungen der allgemeinen Formel I, die sich von C18:2-Fettsäuren ableiten, wie GLA, DGLA oder ARA enthaltende Verbindungen der Formel I oder, die sich von C18:3-Fettsäuren ableiten, wie SDA, ETA oder EPA enthaltende Verbindungen der Formel I. Liegt in der für das Verfahren verwendeten Pflanze als ungesättigte Fettsäure nur Linolsäure (= LA, C18:2<sup>Δ9,12</sup>) vor, so können als Produkte des Verfahrens nur GLA, DGLA und ARA entstehen, die als freie Fettsäuren oder gebunden vorliegen können. Ist in der im Verfahren verwendeten Pflanze als ungesättigte Fettsäure nur α-Linolensäure (= ALA, C18:3<sup>Δ9,12,15</sup>) beispielsweise wie in Lein, so können als Produkte des Verfahrens nur SDA, ETA und EPA entstehen, die wie oben beschrieben als freie Fettsäuren oder gebunden vorliegen können. Durch Modifikation der Aktivität der an der Synthese beteiligten Enzyme (Δ-5-, Δ-6-Desaturase und Δ-6-Elongase) bzw. durch Einbringen nur der ersten beiden Gene Δ-6-Desaturase und Δ-6-Elongase der Synthesekette lassen sich gezielt in den vorgenannten Pflanzen nur einzelne Produkte herstellen (siehe Fig. 1). Durch die Aktivität der Δ-6-Desaturase und Δ-6-Elongase entstehen GLA und DGLA bzw. SDA und ETA, je nach Ausgangspflanze und ungesättigter Fettsäure. Bevorzugt entstehen DGLA bzw. ETA oder deren Mischungen. Wird die Δ-5-Desaturase zusätzlich in Pflanze eingebracht, so entstehen zusätzlich ARA oder EPA. Vorteilhaft werden nur ARA oder EPA oder deren Mischungen synthetisiert, abhängig von der in der Pflanze vorliegenden Fettsäure, die als Ausgangssubstanz für die Synthese dient. Da es sich um Biosynthesketten handelt, liegen die jeweiligen Endprodukte nicht als Reinsubstanzen in den Pflanzen vor. Es sind immer auch geringe Mengen der Vorläuferverbindungen im Endprodukt enthalten. Diese geringen Mengen betragen weniger als 20 Gew.-%, vorteilhaft weniger als 15 Gew.-%, besonders vorteilhaft weniger als 10 Gew.-%, ganz besonders vorteilhaft weniger als 5, 4, 3, 2 oder 1 Gew.-% bezogen auf das Endprodukt DGLA, ETA oder deren Mischungen bzw. ARA, EPA oder deren Mischungen.

**[0030]** Im erfindungsgemäßen Verfahren werden sind unter transgenen Pflanzen auch Pflanzenzellen, -gewebe, -organe oder ganze Pflanzen zu verstehen, die zur Herstellung von Verbindungen der allgemeinen Formel I angezüchtet werden. Unter Anzucht ist beispielsweise die Kultivierung der transgenen Pflanzenzellen, -gewebe oder -organe auf einem Nährmedium oder der ganzen Pflanze auf bzw. in einem Substrat beispielsweise in Hydrokultur oder auf einem Ackerboden zu verstehen.

**[0031]** Im erfindungsgemäßen Verfahren können prinzipiell alle Nukleinsäuren verwendet werden, die für Polypeptide mit Δ-5-, Δ-6-Desaturase- oder Δ-6-Elongaseaktivität codieren. Vorteilhaft stammen diese Nukleinsäuren aus Pflanzen wie Algen wie *Isochrysis* oder *Cryptocodinium*, Diatomeen wie *Phaeodactylum*, Moose wie *Physcomitrella*, *Ceratodon* oder höheren Pflanzen wie den *Primulaceae* wie *Aleuritia*, *Calendula stellata*, *Osteospermum spinescens* oder *Osteospermum hyoseroides*, Mikroorganismen wie Pilzen wie *Aspergillus*, *Thraustochytrium*, *Phytophthora*, *Entomophthora*, *Mucor* oder *Mortierella*, Hefen oder Tieren wie Nematoden wie *Caenorhabditis*, Insekten oder dem Mensch. Vorteilhaft stammen die Δ-5-, Δ-6-Desaturase- oder Δ-6-Elongasegene aus Pilzen oder aus Pflanzen wie Algen oder Moosen, bevorzugt aus Pflanzen.

**[0032]** Vorteilhaft wird im erfindungsgemäßen Verfahren eine Nukleinsäuresequenz ausgewählt aus der Gruppe den in SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31 oder deren Derivat oder Homologe, die für Polypeptide codieren, die noch die enzymatische Aktivität besitzen. Diese Sequenzen werden einzeln oder in Kombination in Expressionskonstrukte kloniert, diese Expressionskonstrukte sind in den Sequenzen SEQ ID NO: 33-37 wiedergegeben. Diese Expressionskonstrukte ermöglichen eine optimale Synthese der im erfindungsgemäßen Verfahren produzierten Verbindungen der allgemeinen Formel I.

**[0033]** Bei einer bevorzugten Ausführungsform umfasst das Verfahren ferner den Schritt des Gewinnens einer Zelle, die die im Verfahren verwendeten Nukleinsäuresequenzen, die für eine Δ-5- oder Δ-6-Desaturase und eine Δ-6-Elongase codieren, enthält, wobei eine Zelle mit den Nukleinsäuresequenz, einem Genkonstrukt oder einem Vektor, welche die Expression der Δ-5-, Δ-6-Desaturase- oder Δ-6-Elongasenukleinsäure allein oder in Kombination herbeiführen, transformiert wird. Bei einer weiteren bevorzugten Ausführungsform umfasst dieses Verfahren ferner den Schritt des Gewinnens der Feinchemikalie aus der Kultur. Die so hergestellte Zelle ist vorteilhaft eine Zelle einer Ölfruchtpflanze wie beispielsweise Erdnuss, Raps, Canola, Lein, Soja, Safflower, Hanf, Sonnenblumen oder Borretsch.

**[0034]** Unter transger Pflanze im Sinne der Erfindung ist zu verstehen, daß die im Verfahren verwendeten Nukleinsäuren nicht an ihrer natürlichen Stelle im Genom eines Organismus sind, dabei können die Nukleinsäuren homolog oder heterolog exprimiert werden.

**[0035]** Transgen bedeutet aber auch, dass die erfindungsgemäßen Nukleinsäuren an ihrem natürlichen Platz im Genom eines Organismus sind, dass jedoch die Sequenz gegenüber der natürlichen Sequenz verändert wurde und/oder das die Regulationssequenzen, der natürlichen Sequenzen verändert wurden. Bevorzugt ist unter transgen die Expression der erfindungsgemäßen Nukleinsäuren an nicht natürlicher Stelle im Genom zu verstehen, das heißt eine homologe oder bevorzugt heterologe Expression der Nukleinsäuren liegt vor. Bevorzugte transgene Pflanzen sind die Ölfruchtpflanzen.

**[0036]** Transgene Pflanzen, die die im erfindungsgemäßen Verfahren synthetisierten Verbindungen der Formel I enthalten, können direkt vermarktet werden ohne die synthetisierten Verbindungen zu isolieren. Unter Pflanzen im erfindungsgemäßen Verfahren sind alle Pflanzenteile, Pflanzenorgane wie Blatt, Stiel, Wurzel, Knollen oder Samen oder die gesamte Pflanze zu verstehen. Der Samen umfasst dabei alle Samenteile wie die Samenhüllen, Epidermis- und Samenzellen, Endosperm oder Embryogewebe. Die im erfindungsgemäßen Verfahren hergestellten Verbindungen können aber auch aus den Pflanzen in Form ihrer Öle, Fett, Lipide und/oder freien Fettsäuren isoliert werden. Durch dieses Verfahren hergestellte Verbindungen der Formel I lassen sich durch Ernten der Organismen entweder aus der Kultur, in der sie wachsen, oder vom Feld ernten. Dies kann über Pressen oder Extraktion der Pflanzenteile bevorzugt der Pflanzensamen erfolgen. Dabei können die Öle, Fette, Lipide und/oder freien Fettsäuren durch sogenanntes kalt schlagen oder kalt pressen ohne Zuführung von Wärme durch Pressen gewonnen werden. Damit sich die Pflanzenteile speziell die Samen leichter aufschließen lassen, werden sie vorher zerkleinert, gedämpft oder geröstet. Die so vorbehandelten Samen können anschließend gepresst werden oder mit Lösungsmittel wie warmen Hexan extrahiert werden. Anschließend wird das Lösungsmittel wieder entfernt. Auf diese Weise können mehr als 96% der im Verfahren hergestellten Verbindungen isoliert werden. Anschließend werden die so erhaltenen Produkte weiter bearbeitet, das heißt raffiniert. Dabei werden zunächst

die Pflanzenschleime und Trübstoffe. Die sogenannte Entschleimung kann enzymatisch oder beispielsweise chemisch/physikalisch durch Zugabe von Säure wie Phosphorsäure erfolgen. Anschließend werden die freien Fettsäuren durch Behandlung mit einer Base beispielsweise Natronlauge entfernt. Das erhaltene Produkt wird zur Entfernung der im Produkt verbliebenen Lauge mit Wasser gründlich gewaschen und getrocknet. Um die noch im Produkt enthaltenen Farbstoffe zu entfernen werden die Produkte einer Bleichung mit beispielsweise Bleicherde oder Aktivkohle unterzogen. Zum Schluss wird das Produkt noch beispielsweise mit Wasserdampf noch desodoriert.

[0037] Vorzugsweise sind die durch dieses Verfahren produzierten PUFAs C<sub>18</sub>- oder C<sub>20-22</sub>-Fettsäuremoleküle mit mindestens zwei Doppelbindungen im Fettsäuremolekül, vorzugsweise drei, vier, bei Kombination mit einer weiteren Elongasen und einer  $\Delta$ -4 Desaturase fünf oder sechs Doppelbindungen. Diese C<sub>18</sub>- oder C<sub>20-22</sub>-Fettsäuremoleküle lassen sich aus dem Organismus in Form eines Öls, Lipids oder einer freien Fettsäure isolieren. Geeignete Organismen sind beispielsweise die vorstehend erwähnten. Bevorzugte Organismen sind transgene Pflanzen.

[0038] Eine erfindungsgemäße Ausführungsform sind Öle, Lipide oder Fettsäuren oder Fraktionen davon, die durch das oben beschriebene Verfahren hergestellt worden sind, besonders bevorzugt Öl, Lipid oder eine Fettsäurezusammensetzung, die PUFAs umfassen und von transgenen Pflanzen herrühren.

[0039] Eine weitere erfindungsgemäße Ausführungsform ist die Verwendung des Öls, Lipids oder der Fettsäurezusammensetzung in Futtermitteln, Nahrungsmitteln, Kosmetika oder Pharmazeutika.

[0040] Unter dem Begriff "Öl" oder "Fett" wird ein Fettsäuregemisch verstanden, das ungesättigte, gesättigte, vorzugsweise veresterte Fettsäure(n) enthält. Bevorzugt ist, dass das Öl oder Fett einen hohen Anteil an ungesättigter, unkonjugierter veresteter Fettsäure(n), insbesondere Linolsäure,  $\gamma$ -Linolensäure, Dihomo- $\gamma$ -linolensäure, Arachidonsäure,  $\alpha$ -Linolensäure, Stearidonsäure, Eicosatetraensäure oder Eicosapentaensäure hat. Vorzugsweise ist der Anteil an ungesättigten veresterten Fettsäuren ungefähr 30%, mehr bevorzugt ist ein Anteil von 50%, noch mehr bevorzugt ist ein Anteil von 60%, 70%, 80% oder mehr. Zur Bestimmung kann z. B. der Anteil an Fettsäure nach Überführung der Fettsäuren in die Methylester durch Umesterung gaschromatographisch bestimmt werden. Das Öl oder Fett kann verschiedene andere gesättigte oder ungesättigte Fettsäuren, z. B. Calendulasäure, Palmitin-, Stearin-, Ölsäure etc., enthalten. Insbesondere kann je nach Ausgangspflanze der Anteil der verschiedenen Fettsäuren in dem Öl oder Fett schwanken.

[0041] Bei den im Verfahren hergestellten Verbindungen der Formel I, die mehrfach ungesättigte Fettsäuren mit mindestens zwei Doppelbindungen enthalten, handelt es sich um Sphingolipide, Phosphoglyceride, Lipide, Glycolipide, Phospholipide, Monoacylglycerin, Diacylglycerin, Triacylglycerin oder sonstige Fettsäureester.

[0042] Aus den so im erfindungsgemäßen Verfahren hergestellten Verbindungen der allgemeinen Formel I lassen sich die enthaltenden mehrfach ungesättigten Fettsäuren beispielsweise über eine Alkalibehandlung beispielsweise wässrige KOH oder NaOH oder saure Hydrolyse vorteilhaft in Gegenwart eines Alkohols wie Methanol oder Ethanol oder über eine enzymatische Abspaltung freisetzen und isolieren über beispielsweise Phasentrennung und anschließender Ansäuerung über z. B. H<sub>2</sub>SO<sub>4</sub>. Die Freisetzung der Fettsäuren kann auch direkt ohne die vorhergehend beschriebene Aufarbeitung erfolgen.

[0043] Die im Verfahren verwendeten Nukleinsäuren können nach Einbringung in eine Pflanzenzelle bzw. Pflanze entweder auf einem separaten Plasmid liegen oder in das Genom der Wirtszelle integriert sein. Bei Integration in das Genom kann die Integration zufallsgemäß sein oder durch derartige Rekombination erfolgen, dass das native Gen durch die eingebrachte Kopie ersetzt wird, wodurch die Produktion der gewünschten Verbindung durch die Zelle moduliert wird, oder durch Verwendung eines Gens in trans, so dass das Gen mit einer funktionellen Expressionseinheit, welche mindestens eine die Expression eines Gens gewährleistende Sequenz und mindestens eine die Polyadenylierung eines funktionell transkribierten Gens gewährleistende Sequenz enthält, funktionell verbunden ist. Vorteilhaft werden die Nukleinsäuren über Multiexpressionskassetten oder Konstrukte zur multiparallelen samen-spezifischen Expression von Genen in die Pflanzen gebracht.

[0044] Moose und Algen sind die einzigen bekannten Pflanzensysteme, die erhebliche Mengen an mehrfach ungesättigten Fettsäuren, wie Arachidonsäure (ARA) und/oder Eicosapentaensäure (EPA) und/oder Docosahexaensäure (DHA) herstellen. Moose enthalten PUFAs in Membranlipiden während Algen, algenverwandte Organismen und einige Pilze auch nennenswerte Mengen an PUFAs in der Triacylglycerolfraction akkumulieren. Daher eignen sich Nukleinsäuremoleküle, die aus solchen Stämmen isoliert werden, die PUFAs auch in der Triacylglycerolfraction akkumulieren, besonders vorteilhaft für das erfindungsgemäße Verfahren und damit zur Modifikation des Lipid- und PUFA-Produktionssystems in einem Wirt, insbesondere Pflanzen, wie Ölfruchtpflanzen, beispielsweise Raps, Canola, Lein, Hanf, Soja, Sonnenblumen, Borretsch. Sie sind deshalb vorteilhaft im erfindungsgemäßen Verfahren verwendbar.

[0045] Die Herstellung einer Triensäure mit C<sub>18</sub>-Kohlenstoffkette mithilfe von Desaturasen konnte bisher gezeigt werden. In diesen literaturbekannten Verfahren wurde die Herstellung von  $\gamma$ -Linolensäure beansprucht. Bisher konnte jedoch niemand die Herstellung sehr langkettiger mehrfach ungesättigter Fettsäuren (mit C<sub>20</sub>- und längerer Kohlenstoffkette sowie von Triensäuren und höher ungesättigten Typen) allein durch modifizierte Pflanzen zeigen.

[0046] Zur Herstellung der erfindungsgemäßen langkettiger PUFAs müssen die mehrfach ungesättigten C<sub>18</sub>-Fettsäuren zunächst durch die enzymatische Aktivität einer Desaturase zunächst desaturiert und anschließend über eine Elongase um mindestens zwei Kohlenstoffatome verlängert werden. Nach einer Elongationsrunde führt diese Enzymaktivität zu C<sub>20</sub>-Fettsäuren, und nach zwei oder drei Elongationsrunden zu C<sub>22</sub>- oder C<sub>24</sub>-Fettsäuren. Die Aktivität der erfindungsgemäßen Verfahren verwendeten Desaturasen und Elongasen führt vorzugsweise zu C<sub>18</sub>-, C<sub>20</sub>- und/oder C<sub>22</sub>-Fettsäuren mit mindestens zwei Doppelbindungen im Fettsäuremolekül, vorzugsweise mit drei, vier oder fünf Doppelbindungen, besonders bevorzugt zu C<sub>18</sub>- und/oder C<sub>20</sub>-Fettsäuren mit mindestens zwei Doppelbindungen im Fettsäuremolekül, vorzugsweise mit drei, vier oder fünf Doppelbindungen im Molekül. Nachdem eine erste Desaturierung und die die Verlängerung stattgefunden hat, können weitere Desaturierungsschritte wie z. B. eine solche in  $\Delta$ -5-Position erfolgen. Besonders bevorzugt als Produkte des erfindungsgemäßen Verfahrens sind Arachidonsäure und Eicosapentaensäure. Die C<sub>18</sub>-Fettsäuren mit mindestens zwei Doppelbindungen in der Fettsäure können durch die erfindungsgemäße enzymatische Aktivität in Form der freien Fettsäure oder in Form der Ester, wie Phospholipide, Glycolipide, Sphingolipide, Phosphoglyceride, Monoacylglycerin, Diacylglycerin oder Triacylglycerin, verlängert werden.

[0047] Unter der Verwendung von Klonierungsvektoren in Pflanzen und bei der Pflanzentransformation, wie denjenigen, die veröffentlicht sind in und dort zitiert sind: Plant Molecular Biology and Biotechnology (CRC Press, Boca Raton, Florida), Kapitel 6/7, S. 71–119 (1993); F. F. White, Vectors for Gene Transfer in Higher Plants; in: Transgenic Plants, Bd. 1, Engineering and Utilization, Hrsgb.: Kung und R. Wu, Academic Press, 1993, 15–38; B. Jenes et al., Techniques for Gene Transfer, in: Transgenic Plants, Bd. 1, Engineering and Utilization, Hrsgb.: Kung und R. Wu, Academic Press (1993), 128–143; Potrykus, Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Molec. Biol. 42 (1991), 205–225), lassen sich die Nukleinsäuren zur gentechnologischen Veränderung eines breiten Spektrums an Pflanzen verwenden, so dass diese ein besserer oder effizienterer Produzent eines oder mehrerer von Lipiden hergeleiteter Produkte, wie PUFAs, wird. Diese verbesserte Produktion oder Effizienz der Produktion eines von Lipiden hergeleiteten Produktes, wie PUFAs, kann durch direkte

Wirkung der Manipulation oder eine indirekte Wirkung dieser Manipulation hervorgerufen werden.  
[0048] Es gibt eine Reihe von Mechanismen, durch die die Veränderung eines erfindungsgemäßen Desaturase-Proteins die Ausbeute, Produktion und/oder Effizienz der Produktion einer Feinchemikalie aus einer Ölfruchtpflanze oder einem Mikroorganismus aufgrund eines veränderten Proteins direkt beeinflussen kann. Die Anzahl oder Aktivität des Desaturase-Proteins oder -Gens sowie von Genkombinationen von Desaturasen und Elongasen kann erhöht sein, so dass größere Mengen dieser Verbindungen de novo hergestellt werden, weil den Organismen diese Aktivität und Fähigkeit zur Biosynthese vor dem Einbringen des entsprechenden Gens fehlte. Entsprechendes gilt für die Kombination mit weiteren Desaturasen oder Elongasen oder weiteren Enzymen aus dem Lipidstoffwechsel. Auch die Verwendung verschiedener divergenter, d. h. auf DNA-Sequenzebene unterschiedlicher Sequenzen kann dabei vorteilhaft sein bzw. die Verwendung von Promotoren zur Genexpression, die eine andere zeitliche Genexpression z. B. abhängig vom Reifegrad eines Samens oder Öl-speichernden Gewebes ermöglicht.

[0049] Durch das Einbringen eines Desaturase- und/oder Elongase-Gens oder mehrerer Desaturase- und Elongase-Gene in einen Organismus allein oder in Kombination mit anderen Genen in eine Zelle kann nicht nur den Biosynthesefluss zum Endprodukt erhöhen, sondern auch die entsprechende Triacylglycerin-Zusammensetzung erhöhen oder de novo schaffen. Ebenso kann die Anzahl oder Aktivität anderer Gene, die am Import von Nährstoffen, die zur Biosynthese einer oder mehrerer Feinchemikalien (z. B. Fettsäuren, polaren und neutralen Lipiden) nötig sind, erhöht sein, so dass die Konzentration dieser Vorläufer, Cofaktoren oder Zwischenverbindungen innerhalb der Zellen oder innerhalb des Speicherkompartiments erhöht ist, wodurch die Fähigkeit der Zellen zur Produktion von PUFAs, wie im folgenden beschrieben, weiter gesteigert wird. Fettsäuren und Lipide sind selbst als Feinchemikalien wünschenswert; durch Optimierung der Aktivität oder Erhöhung der Anzahl einer oder mehrerer Desaturasen und/oder Elongasen, die an der Biosynthese dieser Verbindungen beteiligt sind, oder durch Zerstören der Aktivität einer oder mehrerer Desaturasen, die am Abbau dieser Verbindungen beteiligt sind, kann es möglich sein, die Ausbeute, Produktion und/oder Effizienz der Produktion von Fettsäure- und Lipidmolekülen aus Pflanzen zu steigern.

[0050] Die im erfindungsgemäßen Verfahren verwendeten isolierten Nukleinsäuremoleküle codieren für Proteine oder Teile von diesen, wobei die Proteine oder das einzelne Protein oder Teile davon eine Aminosäuresequenz enthält, die ausreichend homolog zu einer Aminosäuresequenz der Sequenz SEQ ID NO: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30 oder 32 ist, so dass das Protein oder der Teil davon eine Desaturase- oder Elongase-Aktivität beibehält. Vorzugsweise hat das Protein oder der Teil davon, das/der von dem Nukleinsäuremolekül kodiert wird, seine wesentliche enzymatische Aktivität und die Fähigkeit, am Stoffwechsel von zum Aufbau von Zellmembranen von Pflanzen notwendigen Verbindungen oder am Transport von Molekülen über diese Membranen teilzunehmen. Vorteilhaft ist das von den Nukleinsäuremolekülen kodierte Protein zu mindestens etwa 50%, vorzugsweise mindestens etwa 60% und stärker bevorzugt mindestens etwa 70%, 80% oder 90% und am stärksten bevorzugt mindestens etwa 95%, 96%, 97%, 98%, 99% oder 100% homolog zu einer Aminosäuresequenz der Sequenz SEQ ID NO: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30 oder 32. Bevorzugt ist das Protein ein Volllängen-Protein, das im wesentlichen in Teilen homolog zu einer gesamten Aminosäuresequenz der SEQ ID NO: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30 oder 32 (die von dem in SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31 gezeigten offenen Leserahmen herrührt) ist. Im Sinne der Erfindung ist unter Homologie oder homolog, Identität oder identisch zu verstehen.

[0051] Unter wesentlicher enzymatischer Aktivität der verwendeten Desaturasen und der Elongase ist zu verstehen, dass sie gegenüber den durch die Sequenzen mit SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31 codierten Proteinen/Enzymen im Vergleich noch mindestens eine enzymatische Aktivität von mindestens 10%, bevorzugt 20%, besonders bevorzugt 30% und ganz besonders 40% aufweisen und damit am Stoffwechsel von zum Aufbau von Fettsäuren in einer Pflanzenzelle notwendigen Verbindungen oder am Transport von Molekülen über Membranen teilnehmen können, wobei desaturierte C<sub>18</sub>- oder C<sub>20-22</sub>-Kohlenstoffketten mit Doppelbindungen an mindestens zwei, vorteilhaft drei, vier oder fünf Stellen gemeint ist.

[0052] Vorteilhaft im Verfahren verwendbare Nukleinsäuren stammen aus Pilzen oder Pflanzen wie Algen oder Moosen wie den Gattungen Physcomitrella, Thraustochytrium, Phytophthora, Ceratodon, Isochrysis, Aleurita, Muscarioides, Mortierella, Borago, Phaeodactylum, Cryptocodinium oder aus Nematoden wie Ceanorhabditis, speziell aus den Gattungen und Arten Physcomitrella patens, Phytophthora infestans, Ceratodon purpureus, Isochrysis galbana, Aleurita farinosa, Muscarioides viallii, Mortierella alpina, Borago officinalis, Phaeodactylum tricorutum oder Ceanorhabditis elegans.

[0053] Alternativ können die verwendeten isolierten Nukleotidsequenzen für Desaturasen oder Elongasen codieren, die an eine Nukleotidsequenz der SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31 hybridisieren, z. B. unter stringenten Bedingungen hybridisieren.

[0054] Die im Verfahren verwendeten Nukleinsäuresequenzen werden vorteilhaft in einer Expressionskassette, die die Expression der Nukleinsäuren in Pflanzen ermöglicht, eingebracht.

[0055] Vorteilhafte Expressionskassetten werden in SEQ ID NO: 33 bis 37 wiedergegeben. Dabei werden die für die Desaturasen und/oder die Elongasen codierenden Nukleinsäuresequenzen mit einem oder mehreren Regulationssignalen vorteilhafterweise zur Erhöhung der Genexpression funktionell verknüpft. Diese regulatorischen Sequenzen sollen die gezielte Expression der Gene und der Proteinexpression ermöglichen. Dies kann beispielsweise je nach Wirtsorganismus

bedeuten, dass das Gen erst nach Induktion exprimiert und/oder überexprimiert wird, oder dass es sofort exprimiert und/oder überexprimiert wird. Beispielsweise handelt es sich bei diesen regulatorischen Sequenzen um Sequenzen an die Induktoren oder Repressoren binden und so die Expression der Nukleinsäure regulieren. Zusätzlich zu diesen neuen Regulationssequenzen oder anstelle dieser Sequenzen kann die natürliche Regulation dieser Sequenzen vor den eigentlichen Strukturgenen noch vorhanden sein und gegebenenfalls genetisch verändert worden sein, so dass die natürliche Regulation ausgeschaltet und die Expression der Gene erhöht wurde. Die Expressionskassette (= Expressionskonstrukt = Genkonstrukt) kann aber auch einfacher aufgebaut sein, das heißt es wurden keine zusätzlichen Regulationssignale vor die Nukleinsäuresequenz oder dessen Derivate inseriert und der natürliche Promotor mit seiner Regulation wurde nicht entfernt. Stattdessen wurde die natürliche Regulationssequenz so mutiert, dass keine Regulation mehr erfolgt und/oder die Genexpression gesteigert wird. Diese veränderten Promotoren können in Form von Teilsequenzen (= Promotor mit Teilen der erfindungsgemäßen Nukleinsäuresequenzen) auch allein vor das natürliche Gen zur Steigerung der Aktivität gebracht werden. Das Genkonstrukt kann außerdem vorteilhafterweise auch eine oder mehrere sogenannte "enhancer Sequenzen" funktionell verknüpft mit dem Promotor enthalten, die eine erhöhte Expression der Nukleinsäuresequenz ermöglichen. Auch am 3'-Ende der DNA-Sequenzen können zusätzliche vorteilhafte Sequenzen inseriert werden wie weitere regulatorische Elemente oder Terminatoren. Die  $\Delta 5$ -Desaturase-/ $\Delta 6$ -Desaturase und/oder  $\Delta 6$ -Elongase-Gene können in einer oder mehreren Kopien in der Expressionskassette (= Genkonstrukt) enthalten sein. Vorteilhaft liegt nur jeweils eine Kopie der Gene in der Expressionskassette vor. Dieses Genkonstrukt oder die Genkonstrukte können zusammen im Wirtsorganismus exprimiert werden. Dabei kann das Genkonstrukt oder die Genkonstrukte in einem oder mehreren Vektoren inseriert sein und frei in der Zelle vorliegen oder aber im Genom inseriert sein. Es ist vorteilhaft für die Insertion weiterer Gene im Wirtsgenom, wenn die zu exprimierenden Gene zusammen in einem Genkonstrukt vorliegen.

[0056] Die regulatorischen Sequenzen bzw. Faktoren können dabei wie oben beschrieben vorzugsweise die Genexpression der eingeführten Gene positiv beeinflussen und dadurch erhöhen. So kann eine Verstärkung der regulatorischen Elemente vorteilhafterweise auf der Transkriptionsebene erfolgen, indem starke Transkriptionssignale wie Promotoren und/oder "Enhancer" verwendet werden. Daneben ist aber auch eine Verstärkung der Translation möglich, indem beispielsweise die Stabilität der mRNA verbessert wird.

[0057] Eine weitere Ausführungsform der Erfindung sind ein oder mehrere Genkonstrukte, die eine oder mehrere Sequenzen enthalten, die durch Seq ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31 definiert sind und gem. SEQ ID NO: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30 oder 32 Polypeptide kodieren. Die genannten Desaturasen führen dabei eine Doppelbindung in  $\Delta 5$  oder  $\Delta 6$ -Position ein, wobei das Substrat ein, zwei, drei oder vier Doppelbindungen aufweisen. Die Elongase ( $\Delta 6$ -Elongase) besitzt eine Enzymaktivität, die eine Fettsäure um mindestens zwei Kohlenstoffatome verlängert. Gleiches gilt für ihre Homologen, Derivate oder Analoga, die funktionsfähig mit einem oder mehreren Regulationssignalen, vorteilhafterweise zur Steigerung der Genexpression, verbunden sind.

[0058] Vorteilhafte Regulationssequenzen für das neue Verfahren liegen beispielsweise in Promotoren vor, wie dem *cos*-, *tac*-, *trp*-, *tet*-, *trp*-*tet*-, *lpp*-, *lac*-, *lpp*-*lac*-, *lacI*<sup>q</sup>-, *T7*-, *T5*-, *T3*-, *gal*-, *trc*-, *ara*-, *SP6*-,  $\lambda$ -*P<sub>R</sub>*- oder  $\lambda$ -*P<sub>L</sub>*-Promotor und werden vorteilhafterweise in Gram-negativen Bakterien angewendet. Weitere vorteilhafte Regulationssequenzen liegen beispielsweise in den Gram-positiven Promotoren *amy* und *SPO2*, in den Hefe- oder Pilzpromotoren *ADC1*, *MF $\alpha$* , *AC*, *P-60*, *CYC1*, *GAPDH*, *TEF*, *rp28*, *ADH* oder in den Pflanzenpromotoren *CaMV/35S* [Franck et al., Cell 21 (1980) 285–294], *PRP1* [Ward et al., Plant. Mol. Biol. 22 (1993)], *SSU*, *OCS*, *lib4*, *usp*, *STLS1*, *B33*, *nos* oder im Ubiquitin- oder Phaseolin-Promotor vor. In diesem Zusammenhang vorteilhaft sind ebenfalls induzierbare Promotoren, wie die in EP-A-0 388 186 (Benzylsulfonamid-induzierbar), Plant J. 2, 1992: 397–404 (Gatz et al., Tetracyclin-induzierbar), EP-A-0 335 528 (Abzisinäure-induzierbar) oder WO 93/21334 (Ethanol- oder Cyclohexenol-induzierbar) beschriebenen Promotoren. Weitere geeignete Pflanzenpromotoren sind der Promotor von cytosolischer FBPase oder der ST-LSI-Promotor der Kartoffel (Stockhaus et al., EMBO J. 8, 1989, 2445), der Phosphoribosylpyrophosphatamidotransferase-Promotor aus *Glycine max* (Genbank-Zugangsnr. U87999) oder der in EP-A-0 249 676 beschriebene nodienspezifische Promotor. Besonders vorteilhafte Promotoren sind Promotoren, welche die Expression in Geweben ermöglichen, die an der Fettsäurebiosynthese beteiligt sind. Ganz besonders vorteilhaft sind samenspezifische Promotoren, wie der ausführungsgemäße USP Promotor aber auch andere Promotoren wie der *LeB4*-, *DC3*, *Phaseolin*- oder *Napin*-Promotor. Weitere besonders vorteilhafte Promotoren sind samenspezifische Promotoren, die für monokotyle oder dikotyle Pflanzen verwendet werden können und in US 5,608,152 (*Napin*-Promotor aus *Raps*), WO 98/45461 (*Oleosin*-Promotor aus *Arabidopsis*), US 5,504,200 (*Phaseolin*-Promotor aus *Phaseolus vulgaris*), WO 91/13980 (*Bce4*-Promotor aus *Brassica*) von Baumlein et al., Plant J., 2, 2, 1992: 233–239 (*LeB4*-Promotor aus einer Leguminose) beschrieben sind, wobei sich diese Promotoren für Dikotyledonen eignen. Die folgenden Promotoren eignen sich beispielsweise für Monokotyledonen *lpt-2*- oder *lpt-1*-Promotor aus Gerste (WO 95/15389 und WO 95/23230), *Hordein*-Promotor aus Gerste und andere, in WO 99/16890 beschriebene geeignete Promotoren.

[0059] Es ist im Prinzip möglich, alle natürlichen Promotoren mit ihren Regulationssequenzen, wie die oben genannten, für das neue Verfahren zu verwenden. Es ist ebenfalls möglich und vorteilhaft, zusätzlich oder alleine synthetische Promotoren zu verwenden, besonders wenn sie eine Samen-spezifische Expression vermitteln, wie z. B. beschrieben in WO 99/16890.

[0060] Um einen besonders hohen Gehalt an PUFA in transgenen Pflanzen zu erzielen, sollten die PUFA-Biosynthesegene vorteilhaft samen-spezifisch in Ölsaaten exprimiert werden. Hierzu können Samen-spezifische Promotoren verwendet werden, bzw. solche Promotoren die im Embryo und/oder im Endosperm aktiv sind. Samen-spezifische Promotoren können prinzipiell sowohl aus dikotyledonen als auch aus monokotyledonen Pflanzen isoliert werden. Im folgenden sind vorteilhafte bevorzugte Promotoren aufgeführt: USP (= unknown seed protein) und *Vicilin* (*Vicia faba*) [Baumlein et al., Mol. Gen. Genet., 1991, 225(3)], *Napin* (*Raps*) [US 5,608,152], *Acyl-Carrier Protein* (*Raps*) [US 5,315,001 und WO 92/18634], *Oleosin* (*Arabidopsis thaliana*) [WO 98/45461 und WO 93/20216], *Phaseolin* (*Phaseolus vulgaris*) [US 5,504,200], *Bce4* [WO 91/13980], *Leguminosen B4* (*LegB4*-Promotor) [Baumlein et al., Plant J., 2, 2, 1992], *Lpt2* und *lpt1* (Gerste) [WO 95/15389 u. WO 95/23230], Samen-spezifische Promotoren aus Reis, Mais u. Weizen [WO 99/16890], *Amy32b*, *Amy 6-6* und *Aleurain* [US 5,677,474], *Bce4* (*Raps*) [US 5,530,149], *Glycinin* (*Soja*)

[EP 571 741], Phosphoenol-Pyruvatcarboxylase (Soja) [JP 06/62870], ADR12-2 (Soja) [WO 98/08962], Isocitratlyase (Raps) [US 5,689,040] oder  $\beta$ -Amylase (Gerste) [EP 781 849].

[0061] Die Pflanzengenexpression lässt sich auch über einen chemisch induzierbaren Promotor erleichtern (siehe eine Übersicht in Gatz 1997, Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Mol. Biol., 48: 89–108). Chemisch induzierbare Promotoren eignen sich besonders, wenn gewünscht wird, dass die Genexpression auf zeitspezifische Weise erfolgt. Beispiele für solche Promotoren sind ein Salicylsäure-induzierbarer Promotor (WO 95/19443), ein Tetracyclin-induzierbarer Promotor (Gatz et al. (1992) Plant J. 2, 397–404) und ein Ethanol-induzierbarer Promotor.

[0062] Um eine stabile Integration der Biosynthesegene in die transgene Pflanze über mehrere Generation sicherzustellen, sollte jede der im Verfahren verwendeten Nukleinsäuren, die für die  $\Delta$ -6-Desaturase, die  $\Delta$ -5-Desaturase oder die  $\Delta$ -6-Elongase codieren, unter der Kontrolle eines eigenen bevorzugt eines unterschiedlichen Promotors exprimiert werden, da sich wiederholende Sequenzmotive zu Instabilität der T-DNA bzw. zu Rekombinationsereignissen früheren können. Die Expressionskassette ist dabei vorteilhaft so aufgebaut, dass einem Promotor eine geeignete Schnittstelle zur Insertion der zu exprimierenden Nukleinsäure folgt vorteilhaft in einem Polylinker anschließend gegebenenfalls ein Terminator hinter dem Polylinker liegt. Diese Abfolge wiederholt sich mehrfach bevorzugt drei-, vier- oder fünfmal, so dass bis zu fünf Gene in einem Konstrukt zusammengeführt werden und so zur Expression in die transgene Pflanze eingebracht werden können. Vorteilhaft wiederholt sich die Abfolge bis zu dreimal (siehe Sequenzprotokoll SEQ ID NO: 33–37). Die Nukleinsäuresequenzen werden zur Expression über die geeignete Schnittstelle beispielsweise im Polylinker hinter den Promotor inseriert. Vorteilhaft hat jede Nukleinsäuresequenz ihren eigenen Promotor und gegebenenfalls ihren eigenen Terminator. Es ist aber auch möglich mehrere Nukleinsäuresequenzen hinter einem Promotor und ggf. vor einem Terminator zu inserieren. Dabei ist die Insertionsstelle bzw. die Abfolge der inserierten Nukleinsäuren in der Expressionskassette nicht von entscheidender Bedeutung, das heißt eine Nukleinsäuresequenz kann an erster oder letzter Stelle in der Kassette inseriert sein, ohne dass dadurch die Expression wesentlich beeinflusst wird. Es können in der Expressionskassette vorteilhaft unterschiedliche Promotoren wie beispielsweise der USP-, LegB4 oder DC3-Promotor und unterschiedliche Terminatoren verwendet werden. Es ist aber auch möglich nur einen Promotortyp in der Kassette zu verwenden. Dies kann jedoch zu unerwünschten Rekombinationsereignissen führen.

[0063] Wie oben beschrieben sollte die Transkription der eingebrachten Gene vorteilhaft durch geeignete Terminatoren am 3'-Ende der eingebrachten Biosynthesegene (hinter dem Stoppcodon) abgebrochen werden. Verwendet werden kann hier z. B. der OCS1 Terminator. Wie auch für die Promotoren, so sollten hier für jedes Gen unterschiedliche Terminatorsequenzen verwendet werden.

[0064] Das Genkonstrukt kann, wie oben beschrieben, auch weitere Gene umfassen, die in die Organismen eingebracht werden sollen. Es ist möglich und vorteilhaft, in die Wirtsorganismen Regulationsgene, wie Gene für Induktoren, Repressoren oder Enzyme, welche durch ihre Enzymaktivität in die Regulation eines oder mehrerer Gene eines Biosynthesewegs eingreifen, einzubringen und darin zu exprimieren. Diese Gene können heterologen oder homologen Ursprungs sein. Weiterhin können vorteilhaft im Nukleinsäurekonstrukt bzw. Genkonstrukt weitere Biosynthesegene des Fettsäure- oder Lipidstoffwechsels enthalten sein oder aber diese Gene können auf einem weiteren oder mehreren weiteren Nukleinsäurekonstrukten liegen. Vorteilhaft werden als Biosynthesegene des Fettsäure- oder Lipidstoffwechsels ein Gen ausgewählt aus der Gruppe Acyl-CoA-Dehydrogenase(n), Acyl-ACP [= acyl carrier protein]-Desaturase(n), Acyl-ACP-Thioesterase(n), Fettsäure-Acyl-Transferase(n), Fettsäure-Synthase(n), Fettsäure-Hydroxylase(n), Acetyl-Coenzym A-Carboxylase(n), Acyl-Coenzym A-Oxidase(n), Fettsäure-Desaturase(n), Fettsäure-Acetylenasen, Lipoxygenasen, Triacylglycerol-Lipasen, Allenoxid-Synthasen, Hydroperoxid-Lyasen oder Fettsäure-Elongase(n) oder deren Kombinationen verwendet.

[0065] Dabei können die vorgenannten Desaturasen in Kombination mit Elongasen und anderen Desaturasen in erfindungsgemäßen Expressionskassetten kloniert werden und zur Transformation von Pflanzen mithilfe von Agrobakterium eingesetzt werden.

[0066] Die regulatorischen Sequenzen bzw. Faktoren können dabei wie oben beschrieben vorzugsweise die Genexpression der eingeführten Gene positiv beeinflussen und dadurch erhöhen. So kann eine Verstärkung der regulatorischen Elemente vorteilhafterweise auf der Transkriptionsebene erfolgen, indem starke Transkriptionssignale wie Promotoren und/oder "Enhancer" verwendet werden. Daneben ist aber auch eine Verstärkung der Translation möglich, indem beispielsweise die Stabilität der mRNA verbessert wird. Die Expressionskassetten können prinzipiell direkt zum Einbringen in die Pflanze verwendet werden oder aber in einen Vektoren eingebracht werden.

[0067] Diese vorteilhaften Vektoren, vorzugsweise Expressionsvektoren, enthalten die im Verfahren verwendeten Nukleinsäure, die für  $\Delta$ -5- oder  $\Delta$ -6-Desaturen oder  $\Delta$ -6-Elongasen codieren, oder ein Nukleinsäurekonstrukt, die die verwendeten Nukleinsäure allein oder in Kombination mit weiteren Biosynthesegenen des Fettsäure- oder Lipidstoffwechsels. Wie hier verwendet, betrifft der Begriff "Vektor" ein Nukleinsäuremolekül, das eine andere Nukleinsäure transportieren kann, an welche es gebunden ist. Ein Vektortyp ist ein "Plasmid", was für eine zirkuläre doppelsträngige DNA-Schleife steht, in die zusätzlichen DNA-Segmente ligiert werden können. Ein weiterer Vektortyp ist ein viraler Vektor, wobei zusätzliche DNA-Segmente in das virale Genom ligiert werden können. Bestimmte Vektoren können in einer Wirtszelle, in die sie eingebracht worden sind, autonom replizieren (z. B. Bakterienvektoren mit bakteriellem Replikationsursprung). Andere Vektoren werden vorteilhaft beim Einbringen in die Wirtszelle in das Genom einer Wirtszelle integriert und dadurch zusammen mit dem Wirtsgenom repliziert. Zudem können bestimmte Vektoren die Expression von Genen, mit denen sie funktionsfähig verbunden sind, steuern. Diese Vektoren werden hier als "Expressionsvektoren" bezeichnet. Gewöhnlich haben Expressionsvektoren, die für DNA-Rekombinationstechniken geeignet sind, die Form von Plasmiden. In der vorliegenden Beschreibung können "Plasmid" und "Vektor" austauschbar verwendet werden, da das Plasmid die am häufigsten verwendete Vektorform ist. Die Erfindung soll jedoch diese anderen Expressionsvektorformen, wie virale Vektoren, die ähnliche Funktionen ausüben, umfassen. Ferner soll der Begriff Vektor auch andere Vektoren, die dem Fachmann bekannt sind, wie Phagen, Viren, wie SV40, CMV, TMV, Transposons, IS-Elemente, Phas-mide, Phagemide, Cosmide, lineare oder zirkuläre DNA, umfassen.

[0068] Die im Verfahren vorteilhaft verwendeten rekombinanten Expressionsvektoren umfassen die die unten be-



schriebenen Nukleinsäuren oder das oben beschriebene Genkonstrukt in einer Form, die sich zur Expression der verwendeten Nukleinsäuren in einer Wirtszelle eignen, was bedeutet, dass die rekombinanten Expressionsvektoren eine oder mehrere Regulationssequenzen, ausgewählt auf der Basis der zur Expression zu verwendenden Wirtszellen, die mit der zu exprimierenden Nukleinsäuresequenz funktionsfähig verbunden sind, umfasst. In einem rekombinanten Expressionsvektor bedeutet "funktionsfähig verbunden", dass die Nukleotidsequenz von Interesse derart an die Regulationssequenz(en) gebunden ist, dass die Expression der Nukleotidsequenz möglich ist und sie aneinander gebunden sind, so dass beide Sequenzen die vorhergesagte, der Sequenz zugeschriebene Funktion erfüllen (z. B. in einem In-vitro-Transkriptions-/Translationssystem oder in einer Wirtszelle, wenn der Vektor in die Wirtszelle eingebracht wird). Der Begriff "Regulationssequenz" soll Promotoren, Enhancer und andere Expressionskontrollelemente (z. B. Polyadenylierungssignale) umfassen. Diese Regulationssequenzen sind z. B. beschrieben in Goeddel: Gene Expression Technology: Methods in Enzymology 185, Academic Press, San Diego, CA (1990), oder siehe: Gruber und Crosby, in: Methods in Plant Molecular Biology and Biotechnology, CRC Press, Boca Raton, Florida, Hrsgb.: Glick und Thompson, Kapitel 7, 89–108, einschließlich der Literaturstellen darin. Regulationssequenzen umfassen solche, welche die konstitutive Expression einer Nukleotidsequenz in vielen Wirtszelltypen steuern, und solche, welche die direkte Expression der Nukleotidsequenz nur in bestimmten Wirtszellen unter bestimmten Bedingungen steuern. Der Fachmann weiß, dass die Gestaltung des Expressionsvektors von Faktoren, wie der Auswahl der zu transformierenden Wirtszelle, dem Ausmaß der Expression des gewünschten Proteins usw., abhängen kann.

[0069] Die verwendeten rekombinanten Expressionsvektoren können zur Expression von Desaturasen und Elongasen in prokaryotischen oder eukaryotischen Zellen gestaltet sein. Dies ist vorteilhaft, da häufig Zwischenschritte der Vektorkonstruktion der Einfachheit halber in Mikroorganismen durchgeführt werden. Beispielsweise können Desaturase- und/oder Elongase-Gene in bakteriellen Zellen, Insektenzellen (unter Verwendung von Baculovirus-Expressionsvektoren), Hefe- und anderen Pilzzellen (siehe Romanos, M. A., et al. (1992) "Foreign gene expression in yeast: a review", Yeast 8: 423–488; von den Hondel, C. A. M. J. J., et al. (1991) "Heterologous gene expression in filamentous fungi", in: More Gene Manipulations in Fungi, J. W. Bennet & L. L. Lasure, Hrsgb., S. 396–428; Academic Press: San Diego; und von den Hondel, C. A. M. J. J., & Punt, P. J. (1991) "Gene transfer systems and vector development for filamentous fungi, in: Applied Molecular Genetics of Fungi, Peberdy, J. F., et al., Hrsgb., S. 1–28, Cambridge University Press: Cambridge), Algen (Falcitore et al., 1999; Marine Biotechnology, 1, 3: 239–251), Ciliaten der Typen: Holotrichia, Peritrichia, Spirotrichia, Suctorina, Tetrahymena, Paramecium, Colpidium, Glaucoma, Platyophrya, Potomacus, Desaturaseudocohnilembus, Euplotes, Engelmanniella und Stylonychia, insbesondere der Gattung Stylonychia lemnae, mit Vektoren nach einem Transformationsverfahren, wie beschrieben in WO 98/01572, sowie bevorzugt in Zellen vielzelliger Pflanzen (siehe Schmidt, R. und Willmitzer, L. (1988) "High efficiency Agrobacterium tumefaciens mediated transformation of Arabidopsis thaliana leaf and cotyledon explants" Plant Cell Rep.: 583–586; Plant Molecular Biology and Biotechnology, C Press, Boca Raton, Florida, Kapitel 6/7, S. 71–119 (1993); F. F. White, B. Jenes et al., Techniques for Gene Transfer, in: Transgenic Plants, Bd. 1, Engineering and Utilization, Hrsgb.: Kung und R. Wu, Academic Press (1993), 128–43; Potrykus, Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Molec. Biol. 42 (1991), 205–225 (und darin zitierte Literaturstellen)) exprimiert werden. Geeignete Wirtszellen werden ferner erörtert in Goeddel, Gene Expression Technology: Methods in Enzymology 185, Academic Press, San Diego, CA (1990). Der rekombinante Expressionsvektor kann alternativ, zum Beispiel unter Verwendung von T7-Promotor-Regulationssequenzen und T7-Polymerase, in vitro transkribiert und translatiert werden.

[0070] Die Expression von Proteinen in Prokaryoten erfolgt meist mit Vektoren, die konstitutive oder induzierbare Promotoren enthalten, welche die Expression von Fusions- oder nicht-Fusionsproteinen steuern. Typische Fusions-Expressionsvektoren sind u. a. pGEX (Pharmacia Biotech Inc. Smith, D. B., und Johnson, K. S. (1988) Gene 67: 31–40), pMAL (New England Biolabs, Beverly, MA) und pRIT5 (Pharmacia, Piscataway, NJ), bei denen Glutathion-S-Transferase (GST), Maltose E-bindendes Protein bzw. Protein A an das rekombinante Zielprotein fusioniert wird.

[0071] Beispiele für geeignete induzierbare nicht-Fusions-E. coli-Expressionsvektoren sind u. a. pTrc (Amann et al. (1988) Gene 69: 301–315) und pET 11d (Studier et al., Gene Expression Technology: Methods in Enzymology 185, Academic Press, San Diego, Kalifornien (1990) 60–89). Die Zielgenexpression vom pTrc-Vektor beruht auf der Transkription durch Wirts-RNA-Polymerase von einem Hybrid-trp-lac-Fusionspromotor. Die Zielgenexpression aus dem pET 11d-Vektor beruht auf der Transkription von einem T7-gn10-lac-Fusions-Promotor, die von einer coexprimierten viralen RNA-Polymerase (T7 gn1) vermittelt wird. Diese virale Polymerase wird von den Wirtsstämmen BL21 (DE3) oder HMS174 (DE3) von einem residenten  $\lambda$ -Prophagen bereitgestellt, der ein T7 gn1-Gen unter der Transkriptionskontrolle des lacUV 5-Promotors birgt.

[0072] Andere in prokaryotischen Organismen geeignete Vektoren sind dem Fachmann bekannt, diese Vektoren sind beispielsweise in E. coli pLG338, pACYC184, die pBR-Reihe, wie pBR322, die pUC-Reihe, wie pUC18 oder pUC19, die M113mp-Reihe, pKC30, pRep4, pHS1, pHS2, pLc236, pMBL24, pLG200, pUR290, pIN-III<sup>13</sup>-B1,  $\lambda$ gt11 oder pBdCI, in Streptomyces pIJ101, pIJ364, pIJ702 oder pIJ361, in Bacillus pUB110, pC194 oder pBD214, in Corynebacterium pSA77 oder pAJ667.

[0073] Bei einer weiteren Ausführungsform ist der Expressionsvektor ein Hefe-Expressionsvektor. Beispiele für Vektoren zur Expression in der Hefe *S. cerevisiae* umfassen pYeDesaturase1 (Baldari et al. (1987) Embo J. 6: 229–234), pMFa (Kurjan und Herskowitz (1982) Cell 30: 933–943), pJRY88 (Schultz et al. (1987) Gene 54: 113–123) sowie pYES2 (Invitrogen Corporation, San Diego, CA). Vektoren und Verfahren zur Konstruktion von Vektoren, die sich zur Verwendung in anderen Pilzen, wie den filamentösen Pilzen, eignen, umfassen diejenigen, die eingehend beschrieben sind in: von den Hondel, C. A. M. J. J., & Punt, P. J. (1991) "Gene transfer systems and vector development for filamentous fungi, in: Applied Molecular Genetics of fungi, J. F. Peberdy et al., Hrsgb., S. 1–28, Cambridge University Press: Cambridge, oder in: More Gene Manipulations in Fungi [J. W. Bennet & L. L. Lasure, Hrsgb., S. 396–428; Academic Press: San Diego]. Weitere geeignete Hefevektoren sind beispielsweise pAG-1, YEpl6, YEpl3 oder pEMBLye23.

[0074] Alternativ können die Desaturasen und/oder Elongasen in Insektenzellen unter Verwendung von Baculovirus-Expressionsvektoren exprimiert werden. Baculovirus-Vektoren, die zur Expression von Proteinen in gezüchteten Insek-

tenzellen (z. B. Sf9-Zellen) verfügbar sind, umfassen die pAc-Reihe (Smith et al. (1983) Mol. Cell Biol. 3: 2156–2165) und die pVL-Reihe (Lucklow und Summers (1989) Virology 170: 31–39).

**[0075]** Die oben genannten Vektoren bieten nur einen kleinen Überblick über mögliche geeignete Vektoren. Weitere Plasmide sind dem Fachmann bekannt und sind zum Beispiel beschrieben in: Cloning Vectors (Hrsgb. Pouwels, P. H., et al., Elsevier, Amsterdam-New York-Oxford, 1985, ISBN 0 444 904018). Weitere geeignete Expressionssysteme für prokaryotische und eukaryotische Zellen siehe in den Kapiteln 16 und 17 von Sambrook, J., Fritsch, E. F., und Maniatis, T., Molecular Cloning: A Laboratory Manual, 2. Auflage, Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY, 1989.

**[0076]** Bei einer weiteren Ausführungsform können des Verfahrens können die Desaturasen und/oder Elongasen in einzelligen Pflanzenzellen (wie Algen), siehe Falciatore et al., 1999, Marine Biotechnology 1 (3): 239–251 und darin zitierte Literaturangaben, und Pflanzenzellen aus höheren Pflanzen (z. B. Spermatophyten, wie Feldfrüchten) exprimiert werden. Beispiele für Pflanzen-Expressionsvektoren umfassen solche, die eingehend beschrieben sind in: Becker, D., Kemper, E., Schell, J., und Masterson, R. (1992) "New plant binary vectors with selectable markers located proximal to the left border", Plant Mol. Biol. 20: 1195–1197; und Bevan, M. W. (1984) "Binary Agrobacterium vectors for plant transformation", Nucl. Acids Res. 12: 8711–8721; Vectors for Gene Transfer in Higher Plants; in: Transgenic Plants, Bd. 1, Engineering and Utilization, Hrsgb.: Kung und R. Wu, Academic Press, 1993, S. 15–38.

**[0077]** Eine Pflanzen-Expressionskassette enthält vorzugsweise Regulationssequenzen, welche die Genexpression in Pflanzenzellen steuern können und funktionsfähig verbunden sind, so dass jede Sequenz ihre Funktion, wie Termination der Transkription, erfüllen kann, beispielsweise Polyadenylierungssignale. Bevorzugte Polyadenylierungssignale sind diejenigen, die aus Agrobacterium tumefaciens-t-DNA stammen, wie das als Octopinsynthase bekannte Gen 3 des Ti-Plasmids pTiACH5 (Gielen et al., EMBO J. 3 (1984) 835ff.) oder funktionelle Äquivalente davon, aber auch alle anderen in Pflanzen funktionell aktiven Terminatoren sind geeignet.

**[0078]** Da die Pflanzenexpression sehr oft nicht auf Transkriptionsebenen beschränkt ist, enthält eine Pflanzen-Expressionskassette vorzugsweise andere funktionsfähig verbunden Sequenzen, wie Translationsenhancer, beispielsweise die Overdrive-Sequenz, welche die 5'-untranslatierte Leader-Sequenz aus Tabakmosaikvirus, die das Protein/RNA-Verhältnis erhöht, enthält (Gallie et al., 1987, Nucl. Acids Research 15: 8693–8711).

**[0079]** Die Pflanzenexpression muss wie oben beschrieben funktionsfähig mit einem geeigneten Promotor verbunden sein, der die Genexpression auf rechtzeitige, zell- oder gewebespezifische Weise durchführt. Nutzbare Promotoren sind konstitutive Promotoren (Benfey et al., EMBO J. 8 (1989) 2195–2202), wie diejenigen, die von Pflanzenviren stammen, wie 35S CAMV (Franck et al., Cell 21 (1980) 285–294), 19S CaMV (siehe auch US 5352605 und WO 84/02913) oder Pflanzenpromotoren, wie der in US 4,962,028 beschriebene der kleinen Untereinheit der Rubisco.

**[0080]** Andere bevorzugte Sequenzen für die Verwendung zur funktionsfähigen Verbindung in Pflanzenexpressionss-Kassetten sind Targeting-Sequenzen, die zur Steuerung des Genproduktes in sein entsprechendes Zellkompartiment notwendig sind (siehe eine Übersicht in Kernode, Crit. Rev. Plant Sci. 15, 4 (1996) 285–423 und darin zitierte Literaturstellen), beispielsweise in die Vakuole, den Zellkern, alle Arten von Plastiden, wie Amyloplasten, Chloroplasten, Chromoplasten, den extrazellulären Raum, die Mitochondrien, das Endoplasmatische Retikulum, Ölkörper, Peroxisomen und andere Kompartimente von Pflanzenzellen.

**[0081]** Die Pflanzenexpression lässt sich auch wie oben beschrieben über einen chemisch induzierbaren Promotor erleichtern (siehe eine Übersicht in Gatz 1997, Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Mol. Biol., 48: 89–108). Chemisch induzierbare Promotoren eignen sich besonders, wenn gewünscht wird, dass die Genexpression auf zeitspezifische Weise erfolgt. Beispiele für solche Promotoren sind ein Salicylsäureinduzierbarer Promotor (WO 95/19443), ein Tetracyclin-induzierbarer Promotor (Gatz et al. (1992) Plant J. 2, 397–404) und ein Ethanol-induzierbarer Promotor.

**[0082]** Auch Promotoren, die auf biotische oder abiotische Stressbedingungen reagieren, sind geeignete Promotoren, beispielsweise der pathogeninduzierte PRP1-Gen-Promotor (Ward et al., Plant. Mol. Biol. 22 (1993) 361–366), der hitzeinduzierbare hsp80-Promotor aus Tomate (US 5,187,267), der kälteinduzierbare Alphaamylase-Promotor aus Kartoffel (WO 96/12814) oder der durch Wunden induzierbare pinI-Promotor (EP-A-0 375 091).

**[0083]** Es sind insbesondere solche Promotoren bevorzugt, welche die Genexpression in Geweben und Organen herbeiführen, in denen die Lipid- und Ölbiosynthese stattfindet, in Samenzellen, wie den Zellen des Endosperms und des sich entwickelnden Embryos. Geeignete Promotoren sind der Napien-Promotor aus Raps (US 5,608,152), der USP-Promotor aus Vicia faba (Baeumlein et al., Mol Gen Genet, 1991, 225 (3): 459–67), der Oleosin-Promotor aus Arabidopsis (WO 98/45461), der Phaseolin-Promotor aus Phaseolus vulgaris (US 5,504,200), der Bce4-Promotor aus Brassica (WO 91/13980) oder der Legumin-B4-Promotor (LeB4; Baeumlein et al., 1992, Plant Journal, 2 (2): 233–9) sowie Promotoren, welche die samenspezifische Expression in Monokotyledonen-Pflanzen, wie Mais, Gerste, Weizen, Roggen, Reis usw. herbeiführen. Geeignete beachtenswerte Promotoren sind der lpt2- oder lpt1-Gen-Promotor aus Gerste (WO 95/15389 und WO 95/23230) oder die in WO 99/16890 beschriebenen (Promotoren aus dem Gersten-Hordein-Gen, dem Reis-Glutelin-Gen, dem Reis-Oryzin-Gen, dem Reis-Prolamin-Gen, dem Weizen-Gliadin-Gen, Weizen-Glutelin-Gen, dem Mais-Zein-Gen, dem Hafer-Glutelin-Gen, dem Sorghum-Kasirin-Gen, dem Roggen-Secalin-Gen).

**[0084]** Insbesondere kann die multiparallele Expression der im Verfahren verwendeten Desaturasen und/Elongasen allein oder in Kombination mit anderen Desaturasen oder Elongasen gewünscht sein. Die Einführung solcher Expressionskassetten kann über eine simultane Transformation mehrerer einzelner Expressionskonstrukte erfolgen oder bevorzugt durch Kombination mehrerer Expressionskassetten auf einem Konstrukt. Auch können mehrere Vektoren mit jeweils mehreren Expressionskassetten transformiert und auf die Wirtszelle übertragen werden.

**[0085]** Ebenfalls besonders geeignet sind Promotoren, welche die plastidenspezifische Expression herbeiführen, da Plastiden das Kompartiment sind, in dem die Vorläufer sowie einige Endprodukte der Lipidbiosynthese synthetisiert werden. Geeignete Promotoren, wie der virale RNA-Polymerase-Promotor, sind beschrieben in WO 95/16783 und WO 97/06250, und der clpP-Promotor aus Arabidopsis, beschrieben in WO 99/46394.

**[0086]** Vektor-DNA lässt sich in prokaryotische oder eukaryotische Zellen über herkömmliche Transformations- oder Transfektionstechniken einbringen. Die Begriffe "Transformation" und "Transfektion", Konjugation und Transduktion,



wie hier verwendet, sollen eine Vielzahl von im Stand der Technik bekannten Verfahren zum Einbringen fremder Nukleinsäure (z. B. DNA) in eine Wirtszelle, einschließlich Calciumphosphat- oder Calciumchlorid-Copräzipitation, DEAE-Dextran-vermittelte Transfektion, Lipofektion, natürliche Kompetenz, chemisch vermittelter Transfer, Elektroporation oder Teilchenbeschuss, umfassen. Geeignete Verfahren zur Transformation oder Transfektion von Wirtszellen, einschließlich Pflanzenzellen, lassen sich finden in Sambrook et al. (Molecular Cloning: A Laboratory Manual., 2. Aufl., Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY, 1989) und anderen Labor-Handbüchern, wie Methods in Molecular Biology, 1995, Bd. 44, Agrobacterium protocols, Hrsgb: Gartland und Davey, Humana Press, Totowa, New Jersey.

**[0087]** Wirtszellen, die im Prinzip zum Aufnehmen der erfindungsgemäßen Nukleinsäure, des erfindungsgemäßen Genproduktes oder des erfindungsgemäßen Vektors geeignet sind, sind alle prokaryotischen oder eukaryotischen Organismen. Die vorteilhafterweise verwendeten Wirtsorganismen sind Organismen, wie Bakterien, Pilze, Hefen oder Pflanzenzellen vorzugsweise Pflanzen oder Teile davon. Pilze, Hefen oder Pflanzen werden vorzugsweise verwendet, besonders bevorzugt Pflanzen, ganz besonders bevorzugt Pflanzen, wie Ölfruchtpflanzen, die große Mengen an Lipidverbindungen enthalten, wie Raps, Nachtkerze, Hanf, Diestel, Erdnuss, Canola, Lein, Soja, Safflor, Sonnenblume, Borretsch, oder Pflanzen, wie Mais, Weizen, Roggen, Hafer, Triticale, Reis, Gerste, Baumwolle, Maniok, Pfeffer, Tagetes, Solanaceen-Pflanzen, wie Kartoffel, Tabak, Aubergine und Tomate, Vicia-Arten, Erbse, Alfalfa, Buschpflanzen (Kaffee, Kakao, Tee), Salix-Arten, Bäume (Ölplume, Kokosnuss) sowie ausdauernde Gräser und Futterfeldfrüchte. Besonders bevorzugte erfindungsgemäße Pflanzen sind Ölfruchtpflanzen, wie Soja, Erdnuß, Raps, Canola, Lein, Hanf, Nachtkerze, Sonnenblume, Safflor, Bäume (Ölpalme, Kokosnuß).

**[0088]** Im erfindungsgemäßen Verfahren werden vorteilhaft Nukleinsäuresequenzen verwendet, die für die Polypeptide mit einer  $\Delta$ -6-Desaturaseaktivität,  $\Delta$ -6-Elongaseaktivität oder  $\Delta$ -5-Desaturaseaktivität codierenden, ausgewählt aus der Gruppe:

- a) einer Nukleinsäuresequenz mit der in SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 29 oder SEQ ID NO: 31 dargestellten Sequenz,
- b) Nukleinsäuresequenzen, die aufgrund des degenerierten genetischen Codes durch Rückübersetzung der in SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 30 oder SEQ ID NO: 32 dargestellten Aminosäuresequenzen erhalten werden,
- c) Derivate der in SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 29 oder SEQ ID NO: 31 dargestellten Nukleinsäuresequenz, die für Polypeptide mit der in SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 30 oder SEQ ID NO: 32 dargestellten Aminosäuresequenzen codieren und mindestens 50% Homologie auf Aminosäureebene aufweisen, ohne daß die enzymatische Wirkung der Polypeptide wesentlich reduziert ist.

**[0089]** Die oben genannte erfindungsgemäße Nukleinsäure stammt von Organismen, wie Tieren, Ciliaten, Pilzen, Pflanzen wie Algen oder Dinoflagellaten, die PUFAs synthetisieren können.

**[0090]** Der Begriff "Nukleinsäure(molekül)", wie hier verwendet, umfasst zudem die am 3'- und am 5'-Ende des kodierenden Genbereichs gelegene untranslatierte Sequenz: mindestens 500, bevorzugt 200, besonders bevorzugt 100 Nukleotide der Sequenz stromaufwärts des 5'-Endes des kodierenden Bereichs und mindestens 100, bevorzugt 50, besonders bevorzugt 20 Nukleotide der Sequenz stromabwärts des 3'-Endes des kodierenden Genbereichs. Ein "isoliertes" Nukleinsäuremolekül wird von anderen Nukleinsäuremolekülen abgetrennt, die in der natürlichen Quelle der Nukleinsäure vorliegen. Eine "isolierte" Nukleinsäure hat vorzugsweise keine Sequenzen, welche die Nukleinsäure in der genomischen DNA des Organismus, aus dem die Nukleinsäure stammt, natürlicherweise flankieren (z. B. Sequenzen, die sich an den 5'- und 3'-Enden der Nukleinsäure befinden). Bei verschiedenen Ausführungsformen kann das isolierte Desaturase- oder Elongase-Nukleinsäuremolekül zum Beispiel weniger als etwa 5 kb, 4 kb, 3 kb, 2 kb, 1 kb, 0,5 kb oder 0,1 kb an Nukleotidsequenzen enthalten, die natürlicherweise das Nukleinsäuremolekül in der genomischen DNA der Zelle, aus der die Nukleinsäure stammt flankieren.

**[0091]** Die im Verfahren verwendeten Nukleinsäuremoleküle, z. B. ein Nukleinsäuremolekül mit einer Nukleotidsequenz der SEQ ID NO: 1 oder eines Teils davon, kann unter Verwendung molekularbiologischer Standardtechniken und der hier bereitgestellten Sequenzinformation isoliert werden. Auch kann mithilfe von Vergleichsalgorithmen beispielsweise eine homologe Sequenz oder homologe, konservierte Sequenzbereiche auf DNA oder Aminosäureebene identifiziert werden. Diese können als Hybridisierungssonde sowie Standard-Hybridisierungstechniken (wie z. B. beschrieben in Sambrook et al., Molecular Cloning: A Laboratory Manual. 2. Aufl., Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY, 1989) zur Isolierung weiterer im Verfahren nützlicher Nukleinsäuresequenzen verwendet werden. Überdies lässt sich ein Nukleinsäuremolekül, umfassend eine vollständige Sequenz der SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31 oder einen Teil davon, durch Polymerasekettenreaktion isolieren, wobei Oligonukleotidprimer, die auf der Basis dieser Sequenz oder von Teilen davon, verwendet werden (z. B. kann ein Nukleinsäuremolekül, umfassend die vollständigen Sequenz oder einen Teil davon, durch Polymerasekettenreaktion unter Verwendung von Oligonukleotidprimern isoliert werden, die auf der Basis dieser gleichen Sequenz erstellt worden sind). Zum Beispiel lässt sich mRNA aus Zellen isolieren (z. B. durch das Guanidiniumthiocyanat-Extraktionsverfahren von Chirgwin et al. (1979) Biochemistry 18: 5294-5299) und cDNA mittels Reverse Transkriptase (z. B. Moloney-MLV-Reverse-Transkriptase, erhältlich von Gibco/BRL, Bethesda, MD, oder AMV-Reverse-Transkriptase, erhältlich von Seikagaku America, Inc., St. Petersburg, FL) herstellen. Synthetische Oligonukleotidprimer zur

Amplifizierung mittels Polymerasekettenreaktion lassen sich auf der Basis einer der in SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31 sowie der in Fig. 5a gezeigten Sequenzen oder mithilfe der in SEQ ID NO: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30 oder 32 dargestellten Aminosäuresequenzen erstellen. Eine erfindungsgemäße Nukleinsäure kann unter Verwendung von cDNA oder alternativ von genomischer DNA als Matrize und geeigneten Oligonukleotidprimern gemäß Standard-PCR-Amplifikationstechniken amplifiziert werden. Die so amplifizierte Nukleinsäure kann in einen geeigneten Vektor kloniert werden und mittels DNA-Sequenzanalyse charakterisiert werden. Oligonukleotide, die einer Desaturase-Nukleotidsequenz entsprechen, können durch Standard-Syntheseverfahren, beispielsweise mit einem automatischen DNA-Synthesegerät, hergestellt werden.

[0092] Homologe der verwendeten Desaturase- oder Elongase-Nukleinsäuresequenzen mit der Sequenz SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31 bedeutet beispielsweise allelische Varianten mit mindestens etwa 50 bis 60%, vorzugsweise mindestens etwa 60 bis 70%, stärker bevorzugt mindestens etwa 95%, 96%, 97%, 98%, 99% oder mehr Homologie zu einer in SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31 gezeigten Nukleotidsequenzen oder ihren Homologen, Derivaten oder Analoga oder Teilen davon. Weiterhin sind isolierte Nukleinsäuremoleküle einer Nukleotidsequenz, die an eine der in SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31 gezeigten Nukleotidsequenzen oder einen Teil davon hybridisiert, z. B. unter stringenten Bedingungen hybridisiert. Allelische Varianten umfassen insbesondere funktionelle Varianten, die sich durch Deletion, Insertion oder Substitution von Nukleotiden aus/in der in SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31 dargestellten Sequenz erhalten lassen, wobei aber die Absicht ist, dass die Enzymaktivität der davon herrührenden synthetisierten Proteine für die Insertion eines oder mehrerer Gene vorteilhafterweise beibehalten wird. Proteine, die noch die enzymatische Aktivität der Desaturase oder Elongase besitzen, das heißt deren Aktivität im wesentlichen nicht reduziert ist, bedeutet Proteine mit mindestens 10%, vorzugsweise 20%, besonders bevorzugt 30%, ganz besonders bevorzugt 40% der ursprünglichen Enzymaktivität, verglichen mit dem durch SEQ ID NO: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30 oder 32 kodierten Protein.

[0093] Homologen der SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31 bedeuten beispielsweise auch bakterielle, Pilz- und Pflanzenhomologen, verkürzte Sequenzen, einzelsträngige DNA oder RNA der kodierenden und nicht-kodierenden DNA-Sequenz.

[0094] Homologen der SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31 bedeutet auch Derivate, wie beispielsweise Promotorvarianten. Die Promotoren stromaufwärts der angegebenen Nukleotidsequenzen können durch einen oder mehrere Nukleotidaustausche, durch Insertion(en) und/oder Deletion(en) modifiziert werden, ohne dass jedoch die Funktionalität oder Aktivität der Promotoren gestört wird. Es ist weiterhin möglich, dass die Aktivität der Promotoren durch Modifikation ihrer Sequenz erhöht ist oder dass sie vollständig durch aktivere Promotoren, sogar aus heterologen Organismen, ersetzt werden.

[0095] Die vorgenannten Nukleinsäuren und Proteinmoleküle mit Desaturase- oder Elongaseaktivität, die am Stoffwechsel von Lipiden und Fettsäuren, PUFA-Cofaktoren und Enzymen oder am Transport lipophiler Verbindungen über Membranen beteiligt sind, werden im erfindungsgemäßen Verfahren zur Modulation der Produktion von Verbindungen der allgemeinen Formel I in transgenen Pflanzen, wie Mais, Weizen, Roggen, Hafer, Triticale, Reis, Gerste, Sojabohne, Erdnuss, Baumwolle, Linum Arten wie Öl- oder Faserlein, Brassica-Arten, wie Raps, Canola und Rübsen, Pfeffer, Sonnenblume, Borretsch, Nachtkerze und Tagetes, Solanaceen-Pflanzen, wie Kartoffel, Tabak, Aubergine und Tomate, Vicia-Arten, Erbse, Maniok, Alfalfa, Buschpflanzen (Kaffee, Kakao, Tee), Salix-Arten, Bäume (Ölpalme, Kokosnuss) und ausdauernden Gräsern und Futterfeldfrüchten, entweder direkt (z. B. wenn die Überexpression oder Optimierung eines Fettsäurebiosynthese-Proteins einen direkten Einfluss auf die Ausbeute, Produktion und/oder Effizienz der Produktion der Fettsäure aus modifizierten Organismen hat) verwenden und/oder können eine indirekt Auswirkung haben, die dennoch zu einer Steigerung der Ausbeute, Produktion und/oder Effizienz der Produktion einer gewünschten Verbindung oder einer Abnahme unerwünschter Verbindungen führt (z. B. wenn die Modulation des Stoffwechsels von Lipiden und Fettsäuren, Cofaktoren und Enzymen zu Veränderungen der Ausbeute, Produktion und/oder Effizienz der Produktion oder der Zusammensetzung der gewünschten Verbindungen innerhalb der Zellen führt, was wiederum die Produktion einer oder mehrerer Fettsäuren beeinflussen kann).

[0096] Die Kombination verschiedener Vorläufermoleküle und Biosynthesenzyme führt zur Herstellung verschiedener Fettsäuremoleküle, was eine entscheidende Auswirkung auf die Zusammensetzung der Lipide hat. Da mehrfach ungesättigte Fettsäuren (= PUFAs) nicht nur einfach in Triacylglycerin sondern auch in Membranlipide eingebaut werden.

[0097] Die Lipidsynthese lässt sich in zwei Abschnitte unterteilen: die Synthese von Fettsäuren und ihre Bindung an sn-Glycerin-3-Phosphat sowie die Addition oder Modifikation einer polaren Kopfgruppe. Übliche Lipide, die in Membranen verwendet werden, umfassen Phospholipide, Glycolipide, Sphingolipide und Phosphoglyceride. Die Fettsäuresynthese beginnt mit der Umwandlung von Acetyl-CoA in Malonyl-CoA durch die Acetyl-CoA-Carboxylase oder in Acetyl-ACP durch die Acetyltransacylase. Nach einer Kondensationsreaktion bilden diese beiden Produktmoleküle zusammen Acetoacetyl-ACP, das über eine Reihe von Kondensations-, Reduktions- und Dehydratisierungsreaktionen umgewandelt wird, so dass ein gesättigtes Fettsäuremolekül mit der gewünschten Kettenlänge erhalten wird. Die Produktion der ungesättigten Fettsäuren aus diesen Molekülen wird durch spezifische Desaturasen katalysiert, und zwar entweder aerob mittels molekularem Sauerstoff oder anaerob (bezüglich der Fettsäuresynthese in Mikroorganismen siehe F. C. Neidhardt et al. (1996) *E. coli* und *Salmonella*. ASM Press: Washington, D. C., S. 612–636 und darin enthaltene Literaturstellen; Lengeler et al. (Hrsgb.) (1999) *Biology of Prokaryotes*. Thieme: Stuttgart, New York, und die enthaltene Literaturstellen, sowie Magnuson, K., et al. (1993) *Microbiological Reviews* 57: 522–542 und die enthaltenen Literaturstellen).

[0098] Vorläufer für die PUFA-Biosynthese sind beispielsweise Ölsäure, Linol- und Linolensäure. Diese C<sub>18</sub>-Kohlenstoff-Fettsäuren müssen auf C<sub>20</sub> und C<sub>22</sub> verlängert werden, damit Fettsäuren vom Eicosa- und Docosa-Kettentyp erhalten werden. Mithilfe der im Verfahren verwendeten Desaturasen wie der Δ-5- und Δ-6-Desaturase und der Δ-6-Elongase können Arachidonsäure und Eicosapentaensäure sowie verschiedene andere langkettige PUFAs erhalten, extrahiert und für verschiedene Zwecke bei Nahrungsmittel-, Futter-, Kosmetik- oder pharmazeutischen Anwendungen verwendet werden.

den. Mit den genannten Enzymen können vorzugsweise  $C_{18} + C_{20}$  Fettsäuren mit mindestens zwei, drei, vier oder fünf Doppelbindungen im Fettsäuremolekül, vorzugsweise zu  $C_{20}$ -Fettsäuren mit vorteilhaft drei, vier oder fünf Doppelbindungen im Fettsäuremolekül hergestellt werden. Die Desaturierung kann vor oder nach Elongation der entsprechenden Fettsäure erfolgen. Daher führen die Produkte der Desaturaseaktivitäten und der möglichen weiteren Desaturierung und Elongation zu bevorzugten PUFAs mit höherem Desaturierungsgrad, einschließlich einer weiteren Elongation von  $C_{20}$  zu  $C_{22}$ -Fettsäuren, zu Fettsäuren wie  $\gamma$ -Linolensäure, Dihomo- $\gamma$ -linolensäure, Arachidonsäure, Stearidonsäure, Eicosatetraensäure oder Eicosapentaensäure. Substrate im erfindungsgemäßen Verfahren sind zum Beispiel Linolsäure,  $\gamma$ -Linolensäure,  $\alpha$ -Linolensäure, Dihomo- $\gamma$ -linolensäure, Eicosatetraensäure oder Stearidonsäure. Bevorzugte Substrate sind Linolsäure,  $\gamma$ -Linolensäure und/oder  $\alpha$ -Linolensäure, dihomogamma-linolensäure bzw. Arachidonsäure, Eicosatetraensäure oder Eicosapentaensäure. Die  $C_{18}$ - oder  $C_{20}$ -Fettsäuren mit mindestens zwei Doppelbindungen in der Fettsäure fallen im erfindungsgemäßen Verfahren in Form der freien Fettsäure oder in Form ihrer Ester (siehe Formel I) beispielsweise in Form ihrer Glyceride an.

**[0099]** Unter dem Begriff "Glycerid" wird ein mit ein, zwei oder drei Carbonsäureresten verestertes Glycerin verstanden (Mono-, Di- oder Triglycerid). Unter "Glycerid" wird auch ein Gemisch an verschiedenen Glyceriden verstanden. Das Glycerid oder das Glyceridgemisch kann weitere Zusätze, z. B. freie Fettsäuren, Antioxidantien, Proteine, Kohlenhydrate, Vitamine und/oder andere Substanzen enthalten.

**[0100]** Unter einem "Glycerid" im Sinne des erfindungsgemäßen Verfahrens werden ferner vom Glycerin abgeleitete Derivate verstanden. Dazu zählen neben den oben beschriebenen Fettsäureglyceriden auch Glycerophospholipide und Glyceroglycolipide. Bevorzugt seien hier die Glycerophospholipide wie Lecithin (Phosphatidylcholin), Cardiolipin, Phosphatidylglycerin, Phosphatidylserin und Alkylacylglycerophospholipide beispielhaft genannt.

**[0101]** Ferner müssen Fettsäuren anschließend an verschiedene Modifikationsorte transportiert und in das Triacylglycerin-Speicherlipid eingebaut werden. Ein weiterer wichtiger Schritt bei der Lipidsynthese ist der Transfer von Fettsäuren auf die polaren Kopfgruppen, beispielsweise durch Glycerin-Fettsäure-Acyltransferase (siehe Frentzen, 1998, Lipid, 100(4-5): 161-166).

**[0102]** Veröffentlichungen über die Pflanzen-Fettsäurebiosynthese, Desaturierung, den Lipidstoffwechsel und Membrantransport von fetthaltigen Verbindungen, die Betaoxidation, Fettsäuremodifikation und Cofaktoren, Triacylglycerin-Speicherung und -Assemblierung einschließlich der Literaturstellen darin siehe in den folgenden Artikeln: Kinney, 1997, Genetic Engineering, Hrsgb.: JK Setlow, 19: 149-166; Ohlrogge und Browse, 1995, Plant Cell 7: 957-970; Shanklin und Cahoon, 1998, Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Mol. Biol. 49: 611-641; Voelker, 1996, Genetic Engineering, Hrsgb.: JK Setlow, 18: 111-13; Gerhardt, 1992, Prog. Lipid R. 31: 397-417; Gühnemann-Schäfer & Kindl, 1995, Biochim. Biophys Acta 1256: 181-186; Kunau et al., 1995, Prog. Lipid Res. 34: 267-342; Stymne et al., 1993, in: Biochemistry and Molecular Biology of Membrane and Storage Lipids of Plants, Hrsgb.: Murata und Somerville, Rockville, American Society of Plant Physiologists, 150-158, Murphy & Ross 1998, Plant Journal. 13(1): 1-16.

**[0103]** Die im Verfahren hergestellten PUFAs, umfassen eine Gruppe von Molekülen, die höhere Tiere nicht mehr synthetisieren können und somit aufnehmen müssen oder die höhere Tiere nicht mehr ausreichend selbst herstellen können und somit zusätzlich aufnehmen müssen, obwohl sie leicht von anderen Organismen, wie Bakterien, synthetisiert werden, beispielsweise können Katzen Arachidonsäure nicht mehr synthetisieren.

**[0104]** Der Begriff "Desaturase oder Elongase" oder "Desaturase- oder Elongase-Polypeptid" im Sinne der Erfindung umfasst Proteine, die an der Desaturierung und Elongierung von Fettsäuren teilnehmen, sowie ihre Homologen, Derivate oder Analoga. Die Begriffe Desaturase oder Elongase-Nukleinsäuresequenz(en) umfassen Nukleinsäuresequenzen, die eine Desaturase oder Elongase kodieren und bei denen ein Teil eine kodierende Region und ebenfalls entsprechende 5'- und 3'-untranslatierte Sequenzbereiche sein können. Die Begriffe Produktion oder Produktivität sind im Fachgebiet bekannt und beinhalten die Konzentration des Fermentationsproduktes (Verbindungen der Formel I), das in einer bestimmten Zeitspanne und einem bestimmten Fermentationsvolumen gebildet wird (z. B. kg Produkt pro Stunde pro Liter). Der Begriff Effizienz der Produktion umfasst die Zeit, die zur Erzielung einer bestimmten Produktionsmenge nötig ist (z. B. wie lange die Zelle zur Aufrichtung einer bestimmten Durchsatzrate einer Feinchemikalie benötigt). Der Begriff Ausbeute oder Produkt/Kohlenstoff-Ausbeute ist im Fachgebiet bekannt und umfasst die Effizienz der Umwandlung der Kohlenstoffquelle in das Produkt (d. h. die Feinchemikalie). Dies wird gewöhnlich beispielsweise ausgedrückt als kg Produkt pro kg Kohlenstoffquelle. Durch Erhöhen der Ausbeute oder Produktion der Verbindung wird die Menge der gewonnenen Moleküle oder der geeigneten gewonnenen Moleküle dieser Verbindung in einer bestimmten Kulturmenge über einen festgelegten Zeitraum erhöht. Die Begriffe Biosynthese oder Biosyntheseweg sind im Fachgebiet bekannt und umfassen die Synthese einer Verbindung, vorzugsweise einer organischen Verbindung, durch eine Zelle aus Zwischenverbindungen, beispielsweise in einem Mehrschritt- und stark regulierten Prozess. Die Begriffe Abbau oder Abbaupfad sind im Fachgebiet bekannt und umfassen die Spaltung einer Verbindung, vorzugsweise einer organischen Verbindung, durch eine Zelle in Abbauprodukte (allgemeiner gesagt, kleinere oder weniger komplexe Moleküle) beispielsweise in einem Mehrschritt- und stark regulierten Prozess. Der Begriff Stoffwechsel ist im Fachgebiet bekannt und umfasst die Gesamtheit der biochemischen Reaktionen, die in einem Organismus stattfinden.

**[0105]** Der Stoffwechsel einer bestimmten Verbindung (z. B. der Stoffwechsel einer Fettsäure) umfasst dann die Gesamtheit der Biosynthese-, Modifikations- und Abbaupfade dieser Verbindung in der Zelle, die diese Verbindung betreffen.

**[0106]** Bei einer weiteren Ausführungsform kodieren Derivate des erfindungsgemäßen Nukleinsäuremoleküls Proteine mit mindestens 50%, vorteilhaft etwa 50 bis 60%, vorzugsweise mindestens etwa 60 bis 70% und stärker bevorzugt mindestens etwa 70 bis 80%, 80 bis 90%, 90 bis 95% und am stärksten bevorzugt mindestens etwa 96%, 97%, 98%, 99% oder mehr Homologie (= Identität) zu einer vollständigen Aminosäuresequenz der SEQ ID NO: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30 oder 32. Die Homologie der Aminosäuresequenz kann über den gesamten Sequenzbereich mit dem Programm PileUp (J. Mol. Evolution., 25, 351-360, 1987, Higgins et al., CABIOS, 5, 1989: 151-153) oder BEST-FIT oder GAP bestimmt (Henikoff, S. and Henikoff, J. G. (1992). Amino acid substitution matrices from protein blocks. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 89: 10915-10919.)

[0107] Die Erfindung umfasst zudem Nukleinsäuremoleküle, die sich von einer der in SEQ ID NO: 1, 3, 5 oder 11 gezeigten Nukleotidsequenzen (und Teilen davon) aufgrund des degenerierten genetischen Codes unterscheiden und somit die gleiche Desaturase kodieren wie diejenige, die von den in SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31 gezeigten Nukleotidsequenzen kodiert wird.

5 [0108] Zusätzlich zu den in SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31 gezeigten Desaturase-Nukleotidsequenzen erkennt der Fachmann, dass DNA-Sequenzpolymorphismen, die zu Änderungen in den Aminosäuresequenzen der Desaturasen oder Elongasen führen, innerhalb einer Population existieren können. Diese genetischen Polymorphismen im Desaturase- oder Elongase-Gen können zwischen Individuen innerhalb einer Population aufgrund von natürlicher Variation existieren. Diese natürlichen Varianten bewirken üblicherweise eine Varianz von 1 bis 10 5% in der Nukleotidsequenz des Desaturase- oder Elongase-Gens. Sämtliche und alle dieser Nukleotidvariationen und daraus resultierende Aminosäurepolymorphismen in der Desaturase oder Elongase, die das Ergebnis natürlicher Variation sind und die funktionelle Aktivität von Desaturasen oder Elongasen nicht verändern, sollen im Umfang der Erfindung enthalten sein.

[0109] Für das erfindungsgemäße Verfahren vorteilhafte Nukleinsäuremoleküle können auf der Grundlage ihrer Homologie zu den hier offenbarten Desaturase- oder Elongase-Nukleinsäuren unter Verwendung der Sequenzen oder eines Teils davon als Hybridisierungssonde gemäß Standard-Hybridisierungstechniken unter stringenten Hybridisierungsbedingungen isoliert werden. Dabei können beispielsweise isolierte Nukleinsäuremoleküle verwendet werden, die mindestens 15 Nukleotide lang sind und unter stringenten Bedingungen mit dem Nukleinsäuremolekülen, die eine Nukleotidsequenz der SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31 umfassen, hybridisieren. Es können 20 auch Nukleinsäuren mindestens 25, 50, 100, 250 oder mehr Nukleotide verwendet werden. Der Begriff "hybridisiert unter stringenten Bedingungen", wie hier verwendet, soll Hybridisierungs- und Waschbedingungen beschreiben, unter denen Nukleotidsequenzen, die mindestens 60% homolog zueinander sind, gewöhnlich aneinander hybridisiert bleiben. Die Bedingungen sind vorzugsweise derart, dass Sequenzen, die mindestens etwa 65%, stärker bevorzugt mindestens etwa 70% und noch stärker bevorzugt mindestens etwa 75% oder stärker zueinander homolog sind, gewöhnlich aneinander hybridisiert bleiben. Diese stringenten Bedingungen sind dem Fachmann bekannt und lassen sich in Current Protocols in Molecular Biology, John Wiley & Sons, N. Y. (1989), 6.3.1–6.3.6., finden. Ein bevorzugtes, nicht einschränkendes Beispiel für stringente Hybridisierungsbedingungen sind Hybridisierungen in  $6 \times$  Natriumchlorid/Natriumcitrat (sodium chloride/sodium citrate = SSC) bei etwa 45°C, gefolgt von einem oder mehreren Waschschritten in  $0,2 \times$  SSC, 0,1% SDS bei 50 bis 65°C. Dem Fachmann ist bekannt, dass diese Hybridisierungsbedingungen sich je nach dem Typ der Nukleinsäure und, wenn beispielsweise organische Lösungsmittel vorliegen, hinsichtlich der Temperatur und der Konzentration des Puffers unterscheiden. Die Temperatur unterscheidet sich beispielsweise unter "Standard-Hybridisierungsbedingungen" je nach dem Typ der Nukleinsäure zwischen 42°C und 58°C in wässrigem Puffer mit einer Konzentration von 0,1 bis  $5 \times$  SSC (pH 7,2). Falls organisches Lösungsmittel im obengenannten Puffer vorliegt, zum Beispiel 50% Formamid, ist die Temperatur unter Standardbedingungen etwa 42°C. Vorzugsweise sind die Hybridisierungsbedingungen für DNA:DNA-Hybride zum Beispiel  $0,1 \times$  SSC und 20°C bis 45°C, vorzugsweise zwischen 30°C und 45°C. Vorzugsweise sind die Hybridisierungsbedingungen für DNA:RNA-Hybride zum Beispiel  $0,1 \times$  SSC und 30°C bis 55°C, vorzugsweise zwischen 45°C und 55°C. Die vorstehend genannten Hybridisierungstemperaturen sind beispielsweise für eine Nukleinsäure mit etwa 100 bp (= Basenpaare) Länge und einem G + C-Gehalt von 50% in Abwesenheit von Formamid bestimmt. Der Fachmann weiß, wie die erforderlichen Hybridisierungsbedingungen anhand von Lehrbüchern, wie dem vorstehend erwähnten oder aus den folgenden Lehrbüchern Sambrook et al., "Molecular Cloning", Cold Spring Harbor Laboratory, 1989; Hames und Higgins (Hrsgb.) 1985, "Nucleic Acids Hybridization: A Practical Approach", IRL Press at Oxford University Press, Oxford; Brown (Hrsgb.) 1991, "Essential Molecular Biology: A Practical Approach", IRL Press at Oxford University Press, Oxford, bestimmt werden können.

[0110] Zur Bestimmung der prozentualen Homologie (= Identität) von zwei Aminosäuresequenzen (z. B. einer der Sequenzen der SEQ ID NO: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30 oder 32) oder von zwei Nukleinsäuren (z. B. einer der Sequenzen der SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31) werden die Sequenzen zum Zweck des optimalen Vergleichs untereinander geschrieben (z. B. können Lücken in die Sequenz eines Proteins oder einer Nukleinsäure eingefügt werden, um ein optimales Alignment mit dem anderen Protein oder der anderen Nukleinsäure zu erzeugen). Die Aminosäurereste oder Nukleotide an den entsprechenden Aminosäurepositionen oder Nukleotidpositionen werden dann verglichen. Wenn eine Position in einer Sequenz durch den gleichen Aminosäurerest oder das gleiche Nukleotid wie die entsprechende Stelle in der anderen Sequenz belegt wird, dann sind die Moleküle an dieser Position homolog (d. h. Aminosäure- oder Nukleinsäure-"Homologie", wie hier verwendet, entspricht Aminosäure- oder Nukleinsäure-"Identität"). Die prozentuale Homologie zwischen den beiden Sequenzen ist eine Funktion der Anzahl an identischen Positionen, die den Sequenzen gemeinsam sind (d. h. % Homologie = Anzahl der identischen Positionen/Gesamtanzahl der Positionen  $\times$  100). Die Begriffe Homologie und Identität sind damit als Synonym anzusehen.

55 [0111] Ein isoliertes Nukleinsäuremolekül, das eine Desaturase oder Elongase kodiert, die zu einer Proteinsequenz der SEQ ID NO: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30 oder 32 homolog ist, kann durch Einbringen einer oder mehrerer Nukleotidsubstitutionen, -additionen oder -deletionen in eine Nukleotidsequenz der SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31 erzeugt werden, so dass eine oder mehrere Aminosäuresubstitutionen, -additionen oder -deletionen in das kodierte Protein eingebracht werden. Mutationen können in eine der Sequenzen der SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31 durch Standardtechniken, wie stellen-spezifische Mutagenese und PCR-vermittelte Mutagenese, eingebracht werden. Vorzugsweise werden konservative Aminosäuresubstitutionen an einer oder mehreren der vorhergesagten nicht-essentiellen Aminosäureresten hergestellt. Bei einer "konservativen Aminosäuresubstitution" wird der Aminosäurerest gegen einen Aminosäurerest mit einer ähnlichen Seitenkette ausgetauscht. Im Fachgebiet sind Familien von Aminosäureresten mit ähnlichen Seitenketten definiert worden. Diese Familien umfassen Aminosäuren mit basischen Seitenketten (z. B. Lysin, Arginin, Histidin), sauren Seitenketten (z. B. Asparaginsäure, Glutaminsäure), ungeladenen polaren Seitenketten (z. B. Glycin, Asparagin, Glutamin, Serin, Threonin, Tyrosin, Cystein), unpolaren Seitenketten, (z. B. Alanin, Valin, Leucin, Isoleucin, Prolin, Phenylalanin, Methionin, Tryp-

tophan), beta-verzweigten Seitenketten (z. B. Threonin, Valin, Isoleucin) und aromatischen Seitenketten (z. B. Tyrosin, Phenylalanin, Tryptophan, Histidin). Ein vorhergesagter nicht-essentieller Aminosäurerest in einer Desaturase oder Elongase wird somit vorzugsweise durch einen anderen Aminosäurerest aus der gleichen Seitenkettenfamilie ausgetauscht. Alternativ können bei einer anderen Ausführungsform die Mutationen zufallsgemäß über die gesamte oder einen Teil der Desaturase-kodierenden Sequenz eingebracht werden, z. B. durch Sättigungsmutagenese, und die resultierenden Mutanten können nach der hier beschriebenen Desaturase-Aktivität durchmustert werden, um Mutanten zu identifizieren, die Desaturase- oder Elongase-Aktivität beibehalten. Nach der Mutagenese einer der Sequenzen der SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31 kann das kodierte Protein rekombinant exprimiert werden, und die Aktivität des Proteins kann z. B. unter Verwendung der hier beschriebenen Tests bestimmt werden.

[0112] Diese Erfindung wird durch die nachstehenden Beispiele weiter veranschaulicht, die nicht als beschränkend aufgefaßt werden sollten. Der Inhalt sämtlicher in dieser Patentanmeldung zitierten Literaturstellen, Patentanmeldungen, Patente und veröffentlichten Patentanmeldungen ist hier durch Bezugnahme aufgenommen.

#### Beispielteil

#### Beispiel 1

#### Allgemeine Verfahren

##### a) Allgemeine Klonierungsverfahren

[0113] Klonierungsverfahren, wie beispielsweise Restriktionsspaltungen, Agarosegelelektrophorese, Reinigung von DNA-Fragmenten, Transfer von Nukleinsäuren auf Nitrocellulose- und Nylonmembranen, Verbindung von DNA-Fragmenten, Transformation von *Escherichia coli*- und Hefe-Zellen, Anzucht von Bakterien und Sequenzanalyse rekombinanter DNA, wurden durchgeführt wie beschrieben in Sambrook et al. (1989) (Cold Spring Harbor Laboratory Press: ISBN 0-87969-309-6) oder Kaiser, Michaelis und Mitchell (1994) "Methods in Yeast Genetics" (Cold Spring Harbor Laboratory Press: ISBN 0-87969-451-3).

##### b) Chemikalien

[0114] Die verwendeten Chemikalien wurden, wenn im Text nicht anders angegeben, in p. A.-Qualität von den Firmen Fluka (Neu-Ulm), Merck (Darmstadt), Roth (Karlsruhe), Serva (Heidelberg) und Sigma (Deisenhofen) bezogen. Lösungen wurden unter Verwendung von reinem pyrogenfreiem Wasser, im nachstehenden Text als H<sub>2</sub>O bezeichnet, aus einer Milli-Q-Wassersystem-Wasserreinigungsanlage (Millipore, Eschborn) hergestellt. Restriktionsendonukleasen, DNA-modifizierende Enzyme und molekularbiologische Kits wurden bezogen von den Firmen AGS (Heidelberg), Amersham (Braunschweig), Biometra (Göttingen), Boehringer (Mannheim), Genomed (Bad Oeynhausen), New England Biolabs (Schwalbach/Taunus), Novagen (Madison, Wisconsin, USA), Perkin-Elmer (Weiterstadt), Pharmacia (Freiburg), Qiagen (Hilden) und Stratagene (Amsterdam, Niederlande). Wenn nicht anders angegeben, wurden sie nach den Anweisungen des Herstellers verwendet.

#### Beispiel 2

##### Isolierung von Gesamt-RNA und poly(A)<sup>+</sup>-RNA aus Pflanzen

[0115] Die Isolierung von Gesamt-RNA aus Pflanzen wie Lein und Raps etc. erfolgt nach einer bei Logemann et al. beschriebenen Methode (1987, Anal. Biochem. 163, 21) isoliert. Aus Moos kann die Gesamt-RNA *Protonema*-Gewebe nach dem GTC-Verfahren (Reski et al., 1994, Mol. Gen. Genet., 244: 352-359) gewonnen werden.

#### Beispiel 3

##### Transformation von *Agrobacterium*

[0116] Die *Agrobacterium*-vermittelte Pflanzentransformation kann zum Beispiel unter Verwendung des GV3101-(pMP90-) (Koncz und Schell, Mol. Gen. Genet. 204 (1986) 383-396) oder LBA4404- (Clontech) oder C58C1 pGV2260 (Deblaere et al. 1984, Nucl. Acids Res. 13, 4777-4788) *Agrobacterium tumefaciens*-Stamms durchgeführt werden. Die Transformation kann durch Standard-Transformationstechniken durchgeführt werden (ebenfalls Deblaere et al. 1984).

#### Beispiel 4

##### Pflanzentransformation

[0117] Die *Agrobacterium*-vermittelte Pflanzentransformation kann unter Verwendung von Standard-Transformations- und Regenerationstechniken durchgeführt werden (Gelvin, Stanton B., Schilperoort, Robert A., Plant Molecular Biology Manual, 2. Aufl., Dordrecht: Kluwer Academic Publ., 1995, in Sect., Ringbuc Zentrale Signatur: BT11-P ISBN 0-7923-2731-4; Glick, Bernard R., Thompson, John E., Methods in Plant Molecular Biology and Biotechnology, Boca Raton: CRC Press, 1993, 360 S., ISBN 0-8493-5164-2).

[0118] Beispielsweise kann Raps mittels Kotyledonen- oder Hypokotyltransformation transformiert werden (Moloney et al., Plant Cell 8 (1989) 238-242; De Block et al., Plant Physiol. 91 (1989) 694-701). Die Verwendung von Antibiotika

für die Agrobacterium- und Pflanzenselektion hängt von dem für die Transformation verwendeten binären Vektor und Agrobacterium-Stamm ab. Die Rapssselektion wird gewöhnlich unter Verwendung von Kanamycin als selektierbarem Pflanzenmarker durchgeführt.

[0119] Der Agrobacterium-vermittelte Gentransfer in Lein (*Linum usitatissimum*) lässt sich unter Verwendung von beispielsweise einer von Mlynarova et al. (1994) Plant Cell Report 13: 282–285 beschriebenen Technik durchführen.

[0120] Die Transformation von Soja kann unter Verwendung von beispielsweise einer in EP-A-0 0424 047 (Pioneer Hi-Bred International) oder in EP-A-0 0397 687, US 5,376,543, US 5,169,770 (University Toledo) beschriebenen Technik durchgeführt werden.

[0121] Die Pflanzentransformation unter Verwendung von Teilchenbeschuss, Polyethylenglycol-vermittelter DNA-Aufnahme oder über die Siliziumcarbonatfaser-Technik ist beispielsweise beschrieben von Freeling und Walbot "The maize handbook" (1993) ISBN 3-540-97826-7, Springer Verlag New York).

#### Beispiel 5

#### 15 Plasmide für die Pflanzentransformation

[0122] Zur Pflanzentransformation können binäre Vektoren, wie pBinAR (Höfgen und Willmitzer, Plant Science 66 (1990) 221–230) oder pGPTV (Becker et al 1992, Plant Mol. Biol. 20: 1195–1197) verwendet werden. Die Konstruktion der binären Vektoren kann durch Ligation der cDNA in Sense- oder Antisense-Orientierung in T-DNA erfolgen. 5' der cDNA aktiviert ein Pflanzenpromotor die Transkription der cDNA. Eine Polyadenylierungssequenz befindet sich 3' von der cDNA. Die binären Vektoren können unterschiedliche Markergene tragen. Insbesondere kann das nptII-Markergene codierend für Kanamycin-Resistenz vermittelt durch Neomycinphosphotransferase gegen die herbizidresistente Form eines Acetolactat Synthasegens (AHAS oder ALS) ausgetauscht werden. Das ALS-Gen ist beschrieben in Ott et al., J. Mol. Biol. 1996, 263: 359–360. Der v-ATPase-c1-Promotor kann in das Plasmid pBin19 oder pGPTV kloniert werden und durch Klonierung vor das ALS Codierregion für die Markergenexpression genutzt werden. Der genannte Promotor entspricht einem 1153 Basenpaarfragment aus beta-Vulgaris (Plant Mol Biol, 1999, 39: 463–475). Dabei können sowohl Sulphonylharnstoffe als auch Imidazolinone wie Imazethapyr oder Sulphonylharnstoffe als Antimetaboliten zur Selektion verwendet werden.

[0123] Die gewebespezifische Expression lässt sich unter Verwendung eines gewebespezifischen Promotors erzielen. Beispielsweise kann die samenspezifische Expression erreicht werden, indem der DC3- oder der LeB4- oder der USP-Promotor oder der Phaseolin-Promotor 5' der cDNA einkloniert wird. Auch jedes andere samenspezifische Promotorelement wie z. B. der Napin- oder Arcelin Promotor Goossens et al. 1999, Plant Phys. 120(4): 1095–1103 und Gerhardt et al. 2000, Biochimica et Biophysica Acta 1490(1–2): 87–98) kann verwendet werden. Zur konstitutiven Expression in der ganzen Pflanze lässt sich der CaMV-35S-Promotor oder ein v-ATPase C1 Promotor verwenden.

[0124] Insbesondere lassen sich Gene codierend für Desaturasen und Elongasen durch Konstruktion mehrerer Expressionskassetten hintereinander in einen binären Vektor klonieren, um den Stoffwechselweg in Pflanzen nachzubilden.

[0125] Innerhalb einer Expressionskassette kann das zu exprimierende Protein unter Verwendung eines Signalpeptids, beispielsweise für Plastiden, Mitochondrien oder das Endoplasmatische Retikulum, in ein zelluläres Kompartiment dirigiert werden (Kermode, Crit. Rev. Plant Sci. 15, 4 (1996) 285–423). Das Signalpeptid wird 5' im Leseraster mit der cDNA einkloniert, um die subzelluläre Lokalisierung des Fusionsprotein zu erreichen.

[0126] Beispiele für Multiexpressionskassetten sind im folgenden gegeben.

#### I.) Promotor-Terminator-Kassetten

[0127] Expressionskassetten bestehen aus wenigstens zwei funktionellen Einheiten wie einem Promotor und einem Terminator. Zwischen Promotor und Terminator können weitere gewünschte Gensequenzen wie Targetting-Sequenzen, Codierregionen von Genen oder Teilen davon etc. eingefügt werden. Zum Aufbau von Expressionskassetten werden Promotoren und Terminatoren (USP Promotor: Baeumlein et al., Mol Gen Genet, 1991, 225 (3): 459–67); OCS Terminator: Gielen et al. EMBO J. 3 (1984) 835ff.) mithilfe der Polymerasekettenreaktion isoliert und mit flankierenden Sequenzen nach Wahl auf Basis von synthetischen Oligonukleotiden maßgeschneidert.

[0128] Folgende Oligonukleotide können beispielsweise verwendet werden:

USP1 vorne: CCGGAATTCCGGCGCGCCGAGCTCCTCGAGCAAATTTACACATTGCCA

USP2 vorne: CCGGAATTCCGGCGCGCCGAGCTCCTCGAGCAAATTTACACATTGCCA

USP3 vorne: CCGGAATTCCGGCGCGCCGAGCTCCTCGAGCAAATTTACACATTGCCA

55 USP1 hinten: AAAACTGCAGGCGGCGCCACCCGCGGTGGGCTGGCTATGAAGAAATT

USP2 hinten: CGCGGATCCGCTGGCTATGAAGAAATT

USP3 hinten: TCCCCCGGGATCGATGCCGGCAGATCTGCTGGCTATGAAGAAATT

OCS1 vorne: AAAACTGCAGTCTAGAAGGCCTCCTGCTTTAATGAGATAT

OCS2 vorne: CGCGGATCCGATATCGGGCCCCGCTAGCGTTAACCCCTGCTTTAATGAGATAT

60 OCS3 vorne: TCCCCCGGGCCATGGCCTGCTTTAATGAGATAT

OCS1 hinten: CCCAAGCTTGGCGCGCCGAGCTCGAATTCGTCGACGGACAATCAGTAAATTGA

OCS2 hinten: CCCAAGCTTGGCGCGCCGAGCTCGAATTCGTCGACGGACAATCAGTAAATTGA

OCS3 hinten: CCCAAGCTTGGCGCGCCGAGCTCGTCGACGGACAATCAGTAAATTGA

[0129] Die Methoden sind dem Fachmann auf dem Gebiet bekannt und sind allgemein literaturbekannt.

65 [0130] In einem ersten Schritt werden ein Promotor und ein Terminator über PCR amplifiziert. Dann wird der Terminator in ein Empfängerplasmid kloniert und in einem zweiten Schritt der Promotor vor den Terminator inseriert. Mithin erhält man eine Expressionskassette auf einem Trägerplasmid. Auf Basis des Plasmides pUC19 werden die Plasmide pUT1, 2 und 3 erstellt.

[0131] Die Konstrukte sind erfindungsgemäß in SEQ ID NO: 33, 34 bis 42 definiert. Sie enthalten den USP-Promotor und den OCS Terminator. Auf Basis dieser Plasmide wird das Konstrukt pUT12 erstellt, indem pUT1 mittels SalI/ScaI geschnitten wird und pUT2 mittels XhoI/ScaI geschnitten wird. Die die Expressionskassetten enthaltenden Fragmente werden ligiert und in E. coli XLI blue MRF transformiert. Es wird nach Vereinzelung ampicillinresistenter Kolonien DNA präpariert und per Restriktionsanalyse solche Klone identifiziert, die zwei Expressionskassetten enthalten. Die XhoI/SalI Ligation kompatibler Enden hat dabei die beiden Schnittstellen XhoI und SalI zwischen den Expressionskassetten eliminiert. Es resultiert das Plasmid pUT12, das in SEQ ID NO: 36 definiert ist. Anschließend wird pUT12 wiederum mittels Sal/ScaI geschnitten und pUT3 mittels XhoI/ScaI geschnitten. Die die Expressionskassetten enthaltenden Fragmente werden ligiert und in E. coli XLI blue MRF transformiert. Es wird nach Vereinzelung ampicillinresistenter Kolonien DNA präpariert und per Restriktionsanalyse solche Klone identifiziert, die drei Expressionskassetten enthalten. Auf diese Weise wird ein Set von Multiexpressionskassetten geschaffen, dass für die Insertion gewünschter DNA genutzt werden kann und in Tabelle 1 beschrieben wird und zudem noch weitere Expressionskassetten aufnehmen kann.

[0132] Diese enthalten folgende Elemente:

Tabelle 1

PUC19-Derivat	Schnittstellen vor dem USP Promotor	Multiple Klonierungs-Schnittstellen	Schnittstellen hinter dem OCS-Terminator
PUT1	EcoRI/AscI/ SacI/XhoI	BstXI/NotI/ PstI/XbaI/StuI	SalI/EcoRI/ SacI/AscI/ HindIII
PUT2	EcoRI/AscI/ SacI/XhoI	BamHI/EcoRV/ ApaI/NheI/ HpaI	SalI/EcoRI/ SacI/AscI/ HindIII
PUT3	EcoRI/AscI/ SacI/XhoI	BglII/NaeI/ ClaI/SmaI/NcoI	SalI/SacI/ AscI/HindIII
PUT12 Doppel- expressions- kassette	EcoRI/AscI/ SacI/XhoI	BstXI/NotI/ PstI/XbaI/StuI Und BamHI/EcoRV/ ApaI/NheI/ HpaI	SalI/EcoRI/ SacI/AscI/ HindIII
PUT123 Tripel- expressions- kassette	EcoRI/AscI/ SacI/XhoI	1. BstXI/NotI/ PstI/XbaI/StuI und 2. BamHI/EcoRV/ ApaI/NheI/ HpaI und 3. BglII/NaeI/ ClaI/SmaI/NcoI	SalI/SacI/AscI/HindIII

[0133] Weiterhin lassen sich wie beschrieben und wie in Tabelle 2 näher spezifiziert weitere Multiexpressionskassetten mithilfe des

- i) USP-Promotors oder mithilfe des
- ii) 700 Basenpaare 3'-Fragmentes des LeB4-Promotors oder mithilfe des
- iii) DC3-Promotors erzeugen und für samenspezifische Genexpression einsetzen.

[0134] Der DC3-Promotor ist beschrieben bei Thomas, Plant Cell 1996, 263: 359-368 und besteht lediglich aus der Region -117 bis +26 weshalb er mithin einer der kleinsten bekannten samenspezifischen Promotoren darstellt. Die Expressionskassetten können mehrfach den selben Promotor enthalten oder aber über drei verschiedene Promotoren aufgebaut werden.

[0135] Dem Sequenzprotokoll SEQ ID NO: 43 bis 49 sind die für die Pflanzentransformation verwendeten Vektoren sowie die Sequenzen der inserierten Gene/Proteine zu entnehmen.

[0136] Vorteilhaft verwendete Polylinker- bzw. Polylinker-Terminator-Polylinker sind den Sequenzen SEQ ID NO: 50 bis 52 zu entnehmen.

Tabelle 2

## Multiple Expressionskassetten

Plasmidname des pUC19-Derivates	Schnittstellen vor dem jeweiligen Promotor	Multiple Klonierungs-Schnittstellen	Schnittstellen hinter dem OCS-Terminator
PUT1 (pUC19 mit USP-OCS1)	EcoRI/AscI/SacI/XhoI	(1) BstXI/NotI/PstI/XbaI/StuI	Sall/EcoRI/SacI/AscI/HindIII
PDCT (pUC19 mit DC3-OCS)	EcoRI/AscI/SacI/XhoI	(2) BamHI/EcoRV/ ApaI/NheI/HpaI	Sall/EcoRI/SacI/AscI/HindIII
PleBT (pUC19-mit LeB4(700)-OCS)	EcoRI/AscI/SacI/XhoI	(3) BglII/NaeI/ ClaI/SmaI/NcoI	Sall/SacI/AscI/HindIII
PUD12 (pUC 19 mit mit USP-OCS1 und mit DC3-OCS)	EcoRI/AscI/SacI/XhoI	(1) BstXI/NotI/ PstI/XbaI/StuI und (2) BamHI/EcoRV/ ApaI/NheI/HpaI	Sall/EcoRI/SacI/AscI/HindIII
PUDL123 Triple expression cassette (pUC19 mit USP/DC3 und LeB4-700)	EcoRI/AscI/SacI/XhoI	(1) BstXI/NotI/ PstI/XbaI/StuI und (2) BamHI/ (EcoRV*)/ApaI/NheI/HpaI und (3) BglII/NaeI/ ClaI/SmaI/NcoI	Sall/SacI/AscI/HindIII

\* EcoRV Schnittstelle schneidet im 700 Basenpaarfragment des LeB4 Promotors (LeB4-700)

[0137] Analog lassen sich weitere Promotoren für Multigenkonstrukte erzeugen insbesondere unter Verwendung des

- a) 2,7 kB Fragmentes des LeB4-Promotors oder mithilfe des
- b) Phaseolin-Promotors oder mithilfe des
- c) konstitutiven v-ATPase c1-Promotors.

[0138] Es kann insbesondere wünschenswert sein, weitere besonders geeignete Promotoren zum Aufbau samenspezifischer Multiexpressionskassetten wie z. B. den Napin-Promotor oder den Arcelin-5 Promotor zu verwenden.

II) Erstellung von Expressionskonstrukten, die Promotor, Terminator und gewünschte Gensequenz zur PUFA Genexpression in pflanzlichen Expressionskassetten enthalten

[0139] In pUT123 wird zunächst über BstXI und XbaI die  $\Delta$ -6-Elongase Pp\_PSE1 in die erste Kassette inseriert. Dann wird die  $\Delta$ -6-Desaturase aus Moos (Pp\_des6) über BamHI/NaeI in die zweite Kassette inseriert und schließlich die  $\Delta$ -5-Desaturase aus Phaeodactylum (Pt\_des5) über BglIII/NcoI in die dritte Kassette inseriert. Das Dreifachkonstrukt erhält den Namen pARA1.

[0140] Unter Berücksichtigung sequenzspezifischer Restriktionsschnittstellen können weitere Expressionskassetten gemäß Tabelle 3 mit der Bezeichnung pARA2, pARA3 und pARA4 erstellt werden.

Tabelle 3

## Kombinationen von Desaturasen und Elongasen

Gen Plasmid	$\Delta$ -6-Desaturase	$\Delta$ -5-Desaturase	$\Delta$ -6-Elongase
pARA1	Pp_des6	Pt_des5	Pp_PSE1
pARA2	Pt_des6	Pt_des5	Pp_PSE1
pARA3	Pt_des6	Ce_des5	Pp_PSE1
pARA4	Ce_des6	Ce_des5	Ce_PSE1

Pp = Physcomitrella patens, Pt = Phaeodactylum tricornutum

Pp\_PSE1 entspricht der Sequenz aus SEQ ID NO: 9.

PSE = PUFA spezifische  $\Delta$ -6-Elongase

Ce\_des5 =  $\Delta$ -5-Desaturase aus Caenorhabditis elegans (Genbank Acc. Nr. AF 078796)

Ce\_des6 =  $\Delta$ -6-Desaturase aus Caenorhabditis elegans (Genbank Acc. Nr. AF 031477, Basen 11-1342)



Cc\_PSE1 =  $\Delta$ -6-Elongase aus *Caenorhabditis elegans* (Genbank Acc. Nr. AF 244356, Basen 1–867)

[0141] Auch weitere Desaturasen oder Elongasegensequenzen können in Expressionskassetten beschriebener Art inseriert werden wie z. B. Genbank Acc. Nr. AF 231981, NM 013402, AF 206662, AF 268031, AF 226273, AF 110510 oder AF 110509.

iii) Transfer von Expressionskassetten in Vektoren zur Transformation von *Agrobacterium tumefaciens* und zur Transformation von Pflanzen

[0142] Die so erstellten Konstrukte werden mittels *AscI* in den binären Vektor pGPTV inseriert. Die multiple Klonierungssequenz wird zu diesem Zweck um eine *AscI* Schnittstelle erweitert. Zu diesem Zweck wird der Polylinker als zwei doppelsträngige Oligonukleotide neu synthetisiert, wobei eine zusätzliche *AscI* DNA Sequenz eingefügt wird. Das Oligonukleotid wird mittels *EcoRI* und *HindIII* in den Vektor pGPTV inseriert. Die notwendigen Kloniertechniken sind dem Fachmann bekannt und können einfach wie in Beispiel 1 beschrieben nachgelesen werden.

#### Beispiel 6

#### Untersuchung der Expression eines rekombinanten Genproduktes in einem transformierten Organismus

[0143] Die Aktivität eines rekombinanten Genproduktes im transformierten Wirtsorganismus kann auf der Transkriptions- und/oder der Translationsebene gemessen werden.

[0144] Ein geeignetes Verfahren zur Bestimmung der Menge an Transkription des Gens (ein Hinweis auf die Menge an RNA, die für die Translation des Genproduktes zur Verfügung steht) ist die Durchführung eines Northern-Blots wie unten ausgeführt (als Bezugsstelle siehe Ausubel et al. (1988) *Current Protocols in Molecular Biology*, Wiley: New York, oder den oben erwähnten Beispielteil), wobei ein Primer, der so gestaltet ist, dass er an das Gen von Interesse bindet, mit einer nachweisbaren Markierung (gewöhnlich radioaktiv oder chemilumineszent) markiert wird, so dass, wenn die Gesamt-RNA einer Kultur des Organismus extrahiert, auf einem Gel aufgetrennt, auf eine stabile Matrix transferiert und mit dieser Sonde inkubiert wird, die Bindung und das Ausmaß der Bindung der Sonde das Vorliegen und auch die Menge der mRNA für dieses Gen anzeigt. Diese Information zeigt den Grad der Transkription des transformierten Gens an. Zelluläre Gesamt-RNA kann aus Zellen, Geweben oder Organen mit mehreren Verfahren, die alle im Fachgebiet bekannt sind, wie zum Beispiel das von Bormann, E. R., et al. (1992) *Mol. Microbiol.* 6: 317–326 beschriebene, präpariert werden.

#### Northern-Hybridisierung

[0145] Für die RNA-Hybridisierung wurden 20  $\mu$ g Gesamt-RNA oder 1  $\mu$ g poly(A)<sup>+</sup>-RNA mittels Gelelektrophorese in Agarosegelen mit einer Stärke von 1,25% unter Verwendung von Formaldehyd, wie beschrieben in Amasino (1986, *Anal. Biochem.* 152, 304) aufgetrennt, mittels Kapillaranziehung unter Verwendung von 10  $\times$  SSC auf positiv geladene Nylonmembranen (Hybond N+, Amersham, Braunschweig) übertragen, mittels UV-Licht immobilisiert und 3 Stunden bei 68°C unter Verwendung von Hybridisierungspuffer (10% Dextransulfat Gew./Vol., 1 M NaCl, 1% SDS, 100 mg Heringssperma-DNA) vorhybridisiert. Die Markierung der DNA-Sonde mit dem Highprime DNA labeling-Kit (Roche, Mannheim, Deutschland) erfolgte während der Vorhybridisierung unter Verwendung von alpha-<sup>32</sup>P-dCTP (Amersham, Braunschweig, Deutschland). Die Hybridisierung wurde nach Zugabe der markierten DNA-Sonde im gleichen Puffer bei 68°C über Nacht durchgeführt. Die Waschschrte wurden zweimal für 15 min unter Verwendung von 2  $\times$  SSC und zweimal für 30 min unter Verwendung von 1  $\times$  SSC, 1% SDS, bei 68°C durchgeführt. Die Exposition der verschlossenen Filter wurde bei –70°C für einen Zeitraum von 1 bis 14 T durchgeführt.

[0146] Zur Untersuchung des Vorliegens oder der relativen Menge an von dieser mRNA translatiertem Protein können Standardtechniken, wie ein Western-Blot, eingesetzt werden (siehe beispielsweise Ausubel et al. (1988) *Current Protocols in Molecular Biology*, Wiley: New York). Bei diesem Verfahren werden die zellulären Gesamt-Proteine extrahiert, mittels Gelelektrophorese aufgetrennt, auf eine Matrix, wie Nitrozellulose, übertragen und mit einer Sonde, wie einem Antikörper, der spezifisch an das gewünschte Protein bindet, inkubiert. Diese Sonde ist gewöhnlich mit einer chemilumineszenten oder kolorimetrischen Markierung versehen, die sich leicht nachweisen lässt. Das Vorliegen und die Menge der beobachteten Markierung zeigt das Vorliegen und die Menge des gewünschten, in der Zelle vorliegenden mutierten Proteins an.

#### Beispiel 7

#### Analyse der Auswirkung der rekombinanten Proteine auf die Produktion des gewünschten Produktes

[0147] Die Auswirkung der genetischen Modifikation in Pflanzen, Pilzen, Algen, Ciliaten oder auf die Produktion einer gewünschten Verbindung (wie einer Fettsäure) kann bestimmt werden, indem die modifizierten Mikroorganismen oder die modifizierte Pflanze unter geeigneten Bedingungen (wie den vorstehend beschriebenen) gezüchtet werden und das Medium und/oder die zellulären Komponenten auf die erhöhte Produktion des gewünschten Produktes (d. h. von Lipiden oder einer Fettsäure) untersucht wird. Diese Analysetechniken sind dem Fachmann bekannt und umfassen Spektroskopie, Dünnschichtchromatographie, Färbefahrten verschiedener Art, enzymatische und mikrobiologische Verfahren sowie analytische Chromatographie, wie Hochleistungs-Flüssigkeitschromatographie (siehe beispielsweise Ullman, *Encyclopedia of Industrial Chemistry*, Bd. A2, S. 89–90 und S. 443–613, VCH: Weinheim (1985); Fallon, A., et al., (1987) "Applications of HPLC in Biochemistry" in: *Laboratory Techniques in Biochemistry and Molecular Biology*, Bd. 17; Rehm et al. (1993) *Biotechnology*, Bd. 3, Kapitel III: "Product recovery and purification", S. 469–714, VCH: Weinheim; Belter, P. A., et al. (1988) *Bioseparations: downstream processing for Biotechnology*, John Wiley and Sons; Ken-

nedy, J. F., und Cabral, J. M. S. (1992) Recovery processes for biological Materials, John Wiley and Sons; Shaeiwitz, J. A., und Henry, J. D. (1988) Biochemical Separations, in: Ullmann's Encyclopedia of Industrial Chemistry, Bd. B3; Kapitel 11, S. 1–27, VCH: Weinheim; und Dechow, F. J. (1989) Separation and purification techniques in biotechnology, Noyes Publications).

5 [0148] Neben den oben erwähnten Verfahren werden Pflanzenlipide aus Pflanzenmaterial wie von Cahoon et al. (1999) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 96 (22): 12935–12940, und Browse et al. (1986) Analytic Biochemistry 152: 141–145, beschrieben extrahiert. Die qualitative und quantitative Lipid- oder Fettsäureanalyse ist beschrieben bei Christie, William W., Advances in Lipid Methodology, Ayr/Scotland: Oily Press (Oily Press Lipid Library; 2); Christie, William W., Gas Chromatography and Lipids. A Practical Guide – Ayr, Scotland: Oily Press, 1989, Repr. 1992, IX, 307 S. (Oily Press Lipid Library; 1); "Progress in Lipid Research, Oxford: Pergamon Press, 1 (1952)–16 (1977) u. d. T.: Progress in the Chemistry of Fats and Other Lipids CODEN.

10 [0149] Zusätzlich zur Messung des Endproduktes der Fermentation ist es auch möglich, andere Komponenten der Stoffwechselwege zu analysieren, die zur Produktion der gewünschten Verbindung verwendet werden, wie Zwischen- und Nebenprodukte, um die Gesamteffizienz der Produktion der Verbindung zu bestimmen. Die Analyseverfahren umfassen Messungen der Nährstoffmengen im Medium (z. B. Zucker, Kohlenwasserstoffe, Stickstoffquellen, Phosphat und andere Ionen), Messungen der Biomassezusammensetzung und des Wachstums, Analyse der Produktion üblicher Metabolite von Biosynthesewegen und Messungen von Gasen, die während der Fermentation erzeugt werden. Standardverfahren für diese Messungen sind in Applied Microbial Physiology; A Practical Approach, P. M. Rhodes und P. F. Stanbury, Hrsgb., IRL Press, S. 103–129; 131–163 und 165–192 (ISBN: 0199635773) und darin angegebenen Literaturstellen beschrieben.

20 [0150] Ein Beispiel ist die Analyse von Fettsäuren (Abkürzungen: FAME, Fettsäuremethylester; GC-MS, Gas-Flüssigkeitschromatographie-Massenspektrometrie; TAG, Triacylglycerin; TLC, Dünnschichtchromatographie).

[0151] Der unzweideutige Nachweis für das Vorliegen von Fettsäureprodukten kann mittels Analyse rekombinanter Organismen nach Standard-Analyseverfahren erhalten werden: GC, GC-MS oder TLC, wie verschiedentlich beschrieben von Christie und den Literaturstellen darin (1997, in: Advances on Lipid Methodology, Vierte Aufl.: Christie, Oily Press, Dundee, 119–169; 1998, Gaschromatographie-Massenspektrometrie-Verfahren, Lipide 33: 343–353).

25 [0152] Das zu analysierende Material kann durch Ultraschallbehandlung, Mahlen in der Glasmühle, flüssigen Stickstoff und Mahlen oder über andere anwendbare Verfahren aufgebrochen werden. Das Material muss nach dem Aufbrechen zentrifugiert werden. Das Sediment wird in Aqua dest. resuspendiert, 10 min bei 100°C erhitzt, auf Eis abgekühlt und erneut zentrifugiert, gefolgt von Extraktion in 0,5 M Schwefelsäure in Methanol mit 2% Dimethoxypropan für 1 Std. bei 90°C, was zu hydrolysierten Öl- und Lipidverbindungen führt, die transmethylierte Lipide ergeben. Diese Fettsäuremethylester werden in Petrolether extrahiert und schließlich einer GC-Analyse unter Verwendung einer Kapillarsäule (Chrompack, WCOT Fused Silica, CP-Wax-52 CB, 25 Mikrom, 0,32 mm) bei einem Temperaturgradienten zwischen 170°C und 240°C für 20 min und 5 min bei 240°C unterworfen. Die Identität der erhaltenen Fettsäuremethylester muss

30 unter Verwendung von Standards, die aus kommerziellen Quellen erhältlich sind (d. h. Sigma), definiert werden. [0153] Bei Fettsäuren, für die keine Standards verfügbar sind, muss die Identität über Derivatisierung und anschließende GC-MS-Analyse gezeigt werden. Beispielsweise muss die Lokalisierung von Fettsäuren mit Dreifachbindung über GC-MS nach Derivatisierung mit 4,4-Dimethoxyoxazolin-Derivaten (Christie, 1998, siehe oben) gezeigt werden.

#### 40 Expressionskonstrukte in heterologen mikrobiellen Systemen

##### Stämme, Wachstumsbedingungen und Plasmide

[0154] Der Escherichia coli-Stamm XL1 Blue MRF<sup>+</sup> kan (Stratagene) wurde zur Subklonierung der neuen Desaturase pPDesaturase1 aus Physcomitrella patens verwendet. Für die funktionelle Expression dieses Gens verwendeten wir den Saccharomyces cerevisiae-Stamm INVSc 1 (Invitrogen Co.). E. coli wurde in Luria-Bertini-Brühe (LB, Duchefa, Haarlem, Niederlande) bei 37°C kultiviert. Wenn nötig, wurde Ampicillin (100 mg/Liter) zugegeben, und 1,5% Agar (Gew./Vol.) wurde für feste LB-Medien hinzugefügt. S. cerevisiae wurde bei 30°C entweder in YPG-Medium oder in komplettem Minimalmedium ohne Uracil (CMdum; siehe in: Ausubel, F. M., Brent, R., Kingston, R. E., Moore, D. D., Seidman, J. G., Smith, J. A., Struhl, K., Albright, L. B., Coen, D. M., und Varki, A. (1995) Current Protocols in Molecular Biology, John Wiley & Sons, New York) mit entweder 2% (Gew./Vol.) Raffinose oder Glucose kultiviert. Für feste Medien wurden 2% (Gew./Vol.) Bacto™-Agar (Difco) hinzugefügt. Die zur Klonierung und Expression verwendeten Plasmide sind pUC18 (Pharmacia) und pYES2 (Invitrogen Co.).

#### 55 Beispiel 8

##### Klonierung und Expression PUFA-spezifischer Desaturasen und Elongaen

[0155] Für die Expression in Pflanzen wurden cDNA Klone aus Seq ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29, 31. so modifiziert, dass lediglich die Codierregion mittels Polymerase Kettenreaktion unter Zuhilfenahme zweier Oligonukleotide amplifiziert werden. Dabei wurde darauf geachtet, dass eine Konsensussequenz vor dem Startcodon zur effizienten Translation eingehalten wurde. Entweder wurde hierzu die Basenfolge ATA oder AAA gewählt und vor das ATG in die Sequenz eingefügt (Kozak, M. (1986) Point mutations define a sequence flanking the AUG initiator codon that modulates translation by eukaryotic ribosomes, Cell 44, 283–292). Vor diesem Konsensustriplett wurde zusätzlich eine Restriktionsschnittstelle eingeführt, die kompatibel sein muss zur Schnittstelle des Zielvektors, in den das Fragment kloniert werden soll und mit dessen Hilfe die Genexpression in Mikroorganismen oder Pflanzen erfolgen soll.

65 [0156] Die PCR-Reaktion wurde mit Plasmid-DNA als Matrize in einem Thermocycler (Biometra) mit der Pfu-DNA-(Stratagene) Polymerase und dem folgenden Temperaturprogramm durchgeführt: 3 min bei 96°C, gefolgt von 30 Zyklen

mit 30 s bei 96°C, 30 s bei 55°C und 2 min bei 72°C, 1 Zyklus mit 10 min bei 72°C und Stop bei 4°C. Die Anlagerungstemperatur wurde je nach gewählten Oligonukleotiden variiert. Pro Kilobasenpaare DNA ist von einer Synthesezeit von etwa einer Minute auszugehen. Weitere Parameter, die Einfluss auf die PCR haben wie z. B. Mg-Ionen, Salz, DNA Polymerase etc., sind dem Fachmann auf dem Gebiet geläufig und können nach Bedarf variiert werden.

[0157] Die korrekte Größe des amplifizierten DNA-Fragments wurde mittels Agarose-TBE-Gelelektrophorese bestätigt. Die amplifizierte DNA wurde aus dem Gel mit dem QIAquick-Gelextraktionskit (QIAGEN) extrahiert und in die SmaI-Restriktionsstelle des dephosphorylierten Vektors pUC18 unter Verwendung des Sure Clone Ligations Kit (Pharmacia) ligiert, wobei die pUC-Derivate erhalten wurden. Nach der Transformation von *E. coli* XL1 Blue MRF' kan wurde eine DNA-Minipräparation (Riggs, M. G., & McLachlan, A. (1986) A simplified screening procedure for large numbers of plasmid miniprep. *BioTechniques* 4, 310-313) an ampicillinresistenten Transformanden durchgeführt, und positive Klone mittels BamHI-Restriktionsanalyse identifiziert. Die Sequenz des klonierten PCR-Produktes wurde mittels Resequenzierung unter Verwendung des ABI PRISM Big Dye Terminator Cycle Sequencing Ready Reaction Kit (Perkin-Elmer, Weiterstadt) bestätigt.

#### Fettsäureanalyse

[0158] Die Gesamt-Fettsäuren wurden aus Pflanzensamen extrahiert und mittels Gaschromatographie analysiert.

[0159] Die Samen wurden mit 1% Natriummethanolat in Methanol aufgenommen und 20 min bei RT inkubiert. Anschließend wird mit NaCl Lösung gewaschen und die FAME in 0,3 ml Heptan aufgenommen. Die Proben wurden auf einer ZEBRON-ZB-Wax-Kapillarsäule (30 m, 0,32 mm, 0,25 µm; Phenomenex) in einem Hewlett Packard-6850-Gaschromatograph mit einem Flammenionisationsdetektor aufgetrennt. Die Ofentemperatur wurde von 70°C (1 min halten) bis 200°C mit einer Rate von 20°C/min, dann auf 250°C (5 min halten) mit einer Rate von 5°C/min und schließlich auf 260°C mit einer Rate von 5°C/min programmiert. Stickstoff wurde als Trägergas verwendet (4,5 ml/min bei 70°C). Die Fettsäuren wurden durch Vergleich mit Retentionszeiten von FAME-Standards (SIGMA) identifiziert.

#### Expressionsanalyse

[0160] Ergebnis der Expression einer *Phaeodactylum tricornutum*  $\Delta$ -6-Acyl Lipid Desaturase, einer *Phaeodactylum tricornutum*  $\Delta$ -5-Acyl Lipid Desaturase und der delta-6 spezifischen Elongase in Tabaksamen:

[0161] Fig. 2 Fettsäureprofil von transgenen Tabaksamen. Die Pflanzen wurden mit einer 3-fach Expressionskassette transformiert, die unter der Kontrolle des USP Promotors die delta-6-, die delta-5- und die *Physcomitrella patens* PpPSE1 exprimiert (pARA2). Es wurden 100 transgene Tabak und Leinpflanzen hergestellt, von denen ca. 20% Arachidonsäure im Samen synthetisierten.

[0162] Fig. 3 Tabak Wildtypkontrolle.

#### Beispiel 9

##### Reinigung des gewünschten Produktes aus transformierten Organismen

[0163] Die Gewinnung des gewünschten Produktes aus Pflanzenmaterial oder Pilzen, Algen, Ciliaten, tierischen Zellen oder aus dem Überstand der vorstehend beschriebenen Kulturen kann durch verschiedene, im Fachgebiet bekannte Verfahren erfolgen. Wird das gewünschte Produkt nicht aus den Zellen sezerniert, können die Zellen aus der Kultur durch langsame Zentrifugation geerntet werden, die Zellen können durch Standardtechniken, wie mechanische Kraft oder Ultraschallbehandlung, lysiert werden. Organe von Pflanzen können mechanisch von anderem Gewebe oder anderen Organen getrennt werden. Nach der Homogenisation werden die Zelltrümmer durch Zentrifugation entfernt, und die Überstandsfraktion, welche die löslichen Proteine enthält, wird zur weiteren Reinigung der gewünschten Verbindung aufbewahrt. Wird das Produkt aus gewünschten Zellen sezerniert, werden die Zellen durch langsame Zentrifugation aus der Kultur entfernt, und die Überstandsfraktion wird zur weiteren Reinigung aufbewahrt.

[0164] Die Überstandsfraktion aus jedem Reinigungsverfahren wird einer Chromatographie mit einem geeigneten Harz unterworfen, wobei das gewünschte Molekül entweder auf dem Chromatographieharz zurückgehalten wird, viele Verunreinigungen in der Probe jedoch nicht, oder die Verunreinigungen auf dem Harz zurückbleiben, die Probe hingegen nicht. Diese Chromatographieschritte können wenn nötig wiederholt werden, wobei die gleichen oder andere Chromatographieharze verwendet werden. Der Fachmann ist in der Auswahl geeigneter Chromatographieharze und ihrer wirksamsten Anwendung für ein bestimmtes zu reinigendes Molekül bewandert. Das gereinigte Produkt kann durch Filtration oder Ultrafiltration konzentriert und bei einer Temperatur aufbewahrt werden, bei der die Stabilität des Produktes maximal ist.

[0165] Im Fachgebiet ist ein breites Spektrum an Reinigungsverfahren bekannt, und das vorstehende Reinigungsverfahren soll nicht beschränkend sein. Diese Reinigungsverfahren sind zum Beispiel beschrieben in Bailey, J. E., & Ollis, D. F., *Biochemical Engineering Fundamentals*, McGraw-Hill: New York (1986).

[0166] Die Identität und Reinheit der isolierten Verbindungen kann durch Standardtechniken des Fachgebiets bestimmt werden. Dazu gehören Hochleistungs-Flüssigkeitschromatographie (HPLC), spektroskopische Verfahren, Färbeverfahren, Dünnschichtchromatographie, insbesondere Dünnschichtchromatographie und Flammenionisationsdetektion (IA-TROSCAN, Iatron, Tokio, Japan), NIRS, Enzymtest oder mikrobiologisch. Eine Übersicht über diese Analyseverfahren siehe in: Patek et al. (1994) *Appl. Environ. Microbiol.* 60: 133-140; Malakhova et al. (1996) *Biotekhnologiya* 11: 27-32; und Schmidt et al. (1998) *Bioprocess Engineer.* 19: 67-70. *Ullmann's Encyclopedia of Industrial Chemistry* (1996) Bd. A27, VCH: Weinheim, S. 89-90, S. 521-540, S. 540-547, S. 559-566, 575-581 und S. 581-587; Michal, G (1999) *Biochemical Pathways: An Atlas of Biochemistry and Molecular Biology*, John Wiley and Sons; Fallon, A., et al. (1987) *Applications of HPLC in Biochemistry in: Laboratory Techniques in Biochemistry and Molecular Biology*, Bd. 17.

Äquivalente

[0167] Der Fachmann erkennt oder kann viele Äquivalente der hier beschriebenen erfindungsgemäßen spezifischen Ausführungsformen feststellen, indem er lediglich Routineexperimente verwendet. Diese Äquivalente sollen von den Patentansprüchen umfasst sein.

10

15

20

25

30

35

40

45

50

55

60

65

# DE 102 19 203 A 1

## SEQUENZPROTOKOLL

<110> BASF Plant Science GmbH

<120> Verfahren zur Herstellung mehrfach ungesättigter  
Fettsäuren in Pflanzen

<130> 2002/271

<140> 2002\_271

<141> 2002-04-26

<160> 64

<170> PatentIn Vers. 2.0

<210> 1

<211> 1687

<212> DNA

<213> Borago officinalis

<220>

<221> CDS

<222> (42)..(1388)

<223> Delta-6-Desaturase

<400> 1

tatctgccta cctcccaaaa gagagtagtc atttttcatac a atg gct gct caa atc 56

Met Ala Ala Gln Ile

1

5

aag aaa tac att acc tca gat gaa ctc aag aac cac gat aaa ccc gga 104

Lys Lys Tyr Ile Thr Ser Asp Glu Leu Lys Asn His Asp Lys Pro Gly

10

15

20

gat cta tgg atc tcg att caa ggg aaa gcc tat gat gtt tcg gat tgg 152

Asp Leu Trp Ile Ser Ile Gln Gly Lys Ala Tyr Asp Val Ser Asp Trp

25

30

35

gtg aaa gac cat cca ggt ggc agc ttt ccc ttg aag agt ctt gct ggt 200

## DE 102 19 203 A 1

Val Lys Asp His Pro Gly Gly Ser Phe Pro Leu Lys Ser Leu Ala Gly  
40 45 50

5	caa gag gta act gat gca ttt gtt gca ttc cat cct gcc tct aca tgg	248
	Gln Glu Val Thr Asp Ala Phe Val Ala Phe His Pro Ala Ser Thr Trp	
10	55 60 65	
15	aag aat ctt gat aag ttt ttc act ggg tat tat ctt aaa gat tac tct	296
	Lys Asn Leu Asp Lys Phe Phe Thr Gly Tyr Tyr Leu Lys Asp Tyr Ser	
	70 75 80 85	
20	gtt tct gag gtt tct aaa gat tat agg aag ctt gtg ttt gag ttt tct	344
	Val Ser Glu Val Ser Lys Asp Tyr Arg Lys Leu Val Phe Glu Phe Ser	
	90 95 100	
25	aaa atg ggt ttg tat gac aaa aaa ggt cat att atg ttt gca act ttg	392
	Lys Met Gly Leu Tyr Asp Lys Lys Gly His Ile Met Phe Ala Thr Leu	
30	105 110 115	
35	tgc ttt ata gca atg ctg ttt gct atg agt gtt tat ggg gtt ttg ttt	440
	Cys Phe Ile Ala Met Leu Phe Ala Met Ser Val Tyr Gly Val Leu Phe	
	120 125 130	
40	tgt gag ggt gtt ttg gta cat ttg ttt tct ggg tgt ttg atg ggg ttt	488
	Cys Glu Gly Val Leu Val His Leu Phe Ser Gly Cys Leu Met Gly Phe	
	135 140 145	
45	ctt tgg att cag agt ggt tgg att gga cat gat gct ggg cat tat atg	536
	Leu Trp Ile Gln Ser Gly Trp Ile Gly His Asp Ala Gly His Tyr Met	
50	150 155 160 165	
55	gta gtg tct gat tca agg ctt aat aag ttt atg ggt att ttt gct gca	584
	Val Val Ser Asp Ser Arg Leu Asn Lys Phe Met Gly Ile Phe Ala Ala	
	170 175 180	
60	aat tgt ctt tca gga ata agt att ggt tgg tgg aaa tgg aac cat aat	632
	Asn Cys Leu Ser Gly Ile Ser Ile Gly Trp Trp Lys Trp Asn His Asn	
	185 190 195	
65	gca cat cac att gcc tgt aat agc ctt gaa tat gac cct gat tta caa	680

# DE 102 19 203 A 1

Ala His His Ile Ala Cys Asn Ser Leu Glu Tyr Asp Pro Asp Leu Gln

200

205

210

5

tat ata cca ttc ctt gtt gtg tct tcc aag ttt ttt ggt tca ctc acc 728

Tyr Ile Pro Phe Leu Val Val Ser Ser Lys Phe Phe Gly Ser Leu Thr

215

220

225

10

tct cat ttc tat gag aaa agg ttg act ttt gac tct tta tca aga ttc 776

Ser His Phe Tyr Glu Lys Arg Leu Thr Phe Asp Ser Leu Ser Arg Phe

230

235

240

245

15

ttt gta agt tat caa cat tgg aca ttt tac cct att atg tgt gct gct 824

Phe Val Ser Tyr Gln His Trp Thr Phe Tyr Pro Ile Met Cys Ala Ala

250

255

260

20

agg ctc aat atg tat gta caa tct ctc ata atg ttg ttg acc aag aga 872

Arg Leu Asn Met Tyr Val Gln Ser Leu Ile Met Leu Leu Thr Lys Arg

265

270

275

25

30

aat gtg tcc tat cga gct cat gaa ctc ttg gga tgc cta gtg ttc tcg 920

Asn Val Ser Tyr Arg Ala His Glu Leu Leu Gly Cys Leu Val Phe Ser

280

285

290

35

att tgg tac ccg ttg ctt gtt tct tgt ttg cct aat tgg ggt gaa aga 968

Ile Trp Tyr Pro Leu Leu Val Ser Cys Leu Pro Asn Trp Gly Glu Arg

295

300

305

40

att atg ttt gtt att gca agt ttg tca gtg act gga atg caa caa gtt 1016

Ile Met Phe Val Ile Ala Ser Leu Ser Val Thr Gly Met Gln Gln Val

310

315

320

325

45

50

cag ttc tcc ttg aac cac ttc tct tca agt gtt tat gtt gga aag cct 1064

Gln Phe Ser Leu Asn His Phe Ser Ser Ser Val Tyr Val Gly Lys Pro

330

335

340

55

aaa ggg aat aat tgg ttt gag aaa caa acg gat ggg aca ctt gac att 1112

Lys Gly Asn Asn Trp Phe Glu Lys Gln Thr Asp Gly Thr Leu Asp Ile

345

350

355

60

tct tgt cct cct tgg atg gat tgg ttt cat ggt gga ttg caa ttc caa 1160

65

# DE 102 19 203 A 1

Ser Cys Pro Pro Trp Met Asp Trp Phe His Gly Gly Leu Gln Phe Gln  
 360 365 370

5 att gag cat cat ttg ttt ccc aag atg cct aga tgc aac ctt agg aaa 1208  
 Ile Glu His His Leu Phe Pro Lys Met Pro Arg Cys Asn Leu Arg Lys

10 375 380 385

atc tcg ccc tac gtg atc gag tta tgc aag aaa cat aat ttg cct tac 1256  
 15 Ile Ser Pro Tyr Val Ile Glu Leu Cys Lys Lys His Asn Leu Pro Tyr  
 390 395 400 405

20 aat tat gca tct ttc tcc aag gcc aat gaa atg aca ctc aga aca ttg 1304  
 Asn Tyr Ala Ser Phe Ser Lys Ala Asn Glu Met Thr Leu Arg Thr Leu  
 410 415 420

25 agg aac aca gca ttg cag gct agg gat ata acc aag ccg ctc ccg aag 1352  
 Arg Asn Thr Ala Leu Gln Ala Arg Asp Ile Thr Lys Pro Leu Pro Lys  
 30 425 430 435

aat ttg gta tgg gaa gct ctt cac act cat ggt taa aattaccctt 1398  
 35 Asn Leu Val Trp Glu Ala Leu His Thr His Gly  
 440 445

40 agttcatgta ataatttgag attatgtatc tcctatgttt gtgtcttgtc ttggttctac 1458

ttgttgaggat cattgcaact tgtcttttat ggtttattag atgtttttta atatatttta 1518

45 gaggttttgc tttcatctcc attattgatg aataaggagt tgcattattgt caattgtttgt 1578

50 gctcaatatc tgatattttg gaatgtactt tgtaccactg tgtttttcagt tgaagctcat 1638

gtgtacttct atagactttg tttaaatggt tatgaaaaaa aaaaaaaaaa 1687

55

<210> 2

<211> 448

60

<212> PRT

<213> Borago officinalis

65

<400> 2



# DE 102 19 203 A 1

Met	Ala	Ala	Gln	Ile	Lys	Lys	Tyr	Ile	Thr	Ser	Asp	Glu	Leu	Lys	Asn	
1				5				10					15			
His	Asp	Lys	Pro	Gly	Asp	Leu	Trp	Ile	Ser	Ile	Gln	Gly	Lys	Ala	Tyr	5
			20					25					30			
Asp	Val	Ser	Asp	Trp	Val	Lys	Asp	His	Pro	Gly	Gly	Ser	Phe	Pro	Leu	10
		35					40					45				
Lys	Ser	Leu	Ala	Gly	Gln	Glu	Val	Thr	Asp	Ala	Phe	Val	Ala	Phe	His	15
	50					55					60					
Pro	Ala	Ser	Thr	Trp	Lys	Asn	Leu	Asp	Lys	Phe	Phe	Thr	Gly	Tyr	Tyr	20
	65				70					75				80		
Leu	Lys	Asp	Tyr	Ser	Val	Ser	Glu	Val	Ser	Lys	Asp	Tyr	Arg	Lys	Leu	25
				85					90					95		
Val	Phe	Glu	Phe	Ser	Lys	Met	Gly	Leu	Tyr	Asp	Lys	Lys	Gly	His	Ile	30
				100				105					110			
Met	Phe	Ala	Thr	Leu	Cys	Phe	Ile	Ala	Met	Leu	Phe	Ala	Met	Ser	Val	35
		115					120					125				
Tyr	Gly	Val	Leu	Phe	Cys	Glu	Gly	Val	Leu	Val	His	Leu	Phe	Ser	Gly	40
	130					135					140					
Cys	Leu	Met	Gly	Phe	Leu	Trp	Ile	Gln	Ser	Gly	Trp	Ile	Gly	His	Asp	45
145					150					155				160		
Ala	Gly	His	Tyr	Met	Val	Val	Ser	Asp	Ser	Arg	Leu	Asn	Lys	Phe	Met	50
				165				170					175			
Gly	Ile	Phe	Ala	Ala	Asn	Cys	Leu	Ser	Gly	Ile	Ser	Ile	Gly	Trp	Trp	55
			180					185					190			
Lys	Trp	Asn	His	Asn	Ala	His	His	Ile	Ala	Cys	Asn	Ser	Leu	Glu	Tyr	60
		195				200					205					
Asp	Pro	Asp	Leu	Gln	Tyr	Ile	Pro	Phe	Leu	Val	Val	Ser	Ser	Lys	Phe	65

# DE 102 19 203 A 1

	210	215	220
5	Phe Gly Ser Leu Thr Ser His Phe Tyr Glu Lys Arg Leu Thr Phe Asp		
	225	230	235 240
10	Ser Leu Ser Arg Phe Phe Val Ser Tyr Gln His Trp Thr Phe Tyr Pro		
	245	250	255
15	Ile Met Cys Ala Ala Arg Leu Asn Met Tyr Val Gln Ser Leu Ile Met		
	260	265	270
20	Leu Leu Thr Lys Arg Asn Val Ser Tyr Arg Ala His Glu Leu Leu Gly		
	275	280	285
25	Cys Leu Val Phe Ser Ile Trp Tyr Pro Leu Leu Val Ser Cys Leu Pro		
	290	295	300
30	Asn Trp Gly Glu Arg Ile Met Phe Val Ile Ala Ser Leu Ser Val Thr		
	305	310	315 320
35	Gly Met Gln Gln Val Gln Phe Ser Leu Asn His Phe Ser Ser Ser Val		
	325	330	335
40	Tyr Val Gly Lys Pro Lys Gly Asn Asn Trp Phe Glu Lys Gln Thr Asp		
	340	345	350
45	Gly Thr Leu Asp Ile Ser Cys Pro Pro Trp Met Asp Trp Phe His Gly		
	355	360	365
50	Gly Leu Gln Phe Gln Ile Glu His His Leu Phe Pro Lys Met Pro Arg		
	370	375	380
55	Cys Asn Leu Arg Lys Ile Ser Pro Tyr Val Ile Glu Leu Cys Lys Lys		
	385	390	395 400
60	His Asn Leu Pro Tyr Asn Tyr Ala Ser Phe Ser Lys Ala Asn Glu Met		
	405	410	415
65	Thr Leu Arg Thr Leu Arg Asn Thr Ala Leu Gln Ala Arg Asp Ile Thr		
	420	425	430

# DE 102 19 203 A 1

Lys Pro Leu Pro Lys Asn Leu Val Trp Glu Ala Leu His Thr His Gly  
 435 440 445

<210> 3

<211> 1192

<212> DNA

<213> Physcomitrella patens

<220>

<221> CDS

<222> (58)..(930)

<223> Delta-6-Elongase

<400> 3

ctgcttcgtc tcattctggg ggtgtgattc gggagtgggt tgagttggtg gagcgca 57

atg gag gtc gtg gag aga ttc tac ggt gag ttg gat ggg aag gtc tcg 105

Met Glu Val Val Glu Arg Phe Tyr Gly Glu Leu Asp Gly Lys Val Ser

1 5 10 15

cag ggc gtg aat gca ttg ctg ggt agt ttt ggg gtg gag ttg acg gat 153

Gln Gly Val Asn Ala Leu Leu Gly Ser Phe Gly Val Glu Leu Thr Asp

20 25 30

acg ccc act acc aaa ggc ttg ccc ctc gtt gac agt ccc aca ccc atc 201

Thr Pro Thr Thr Lys Gly Leu Pro Leu Val Asp Ser Pro Thr Pro Ile

35 40 45

gtc ctc ggt gtt tct gta tac ttg act att gtc att gga ggg ctt ttg 249

Val Leu Gly Val Ser Val Tyr Leu Thr Ile Val Ile Gly Gly Leu Leu

50 55 60

tgg ata aag gcc agg gat ctg aaa ccg cgc gcc tcg gag cca ttt ttg 297

Trp Ile Lys Ala Arg Asp Leu Lys Pro Arg Ala Ser Glu Pro Phe Leu

65 70 75 80

ctc caa gct ttg gtg ctt gtg cac aac ctg ttc tgt ttt gcg ctc agt 345

Leu Gln Ala Leu Val Leu Val His Asn Leu Phe Cys Phe Ala Leu Ser

65

# DE 102 19 203 A 1

	85	90	95	
5	ctg tat atg tgc gtg ggc atc gct tat cag gct att acc tgg cgg tac			393
	Leu Tyr Met Cys Val Gly Ile Ala Tyr Gln Ala Ile Thr Trp Arg Tyr			
	100	105	110	
10	tct ctc tgg ggc aat gca tac aat cct aaa cat aaa gag atg gcg att			441
	Ser Leu Trp Gly Asn Ala Tyr Asn Pro Lys His Lys Glu Met Ala Ile			
	115	120	125	
15				
	ctg gta tac ttg ttc tac atg tct aag tac gtg gaa ttc atg gat acc			489
	Leu Val Tyr Leu Phe Tyr Met Ser Lys Tyr Val Glu Phe Met Asp Thr			
20	130	135	140	
25	gtt atc atg ata ctg aag cgc agc acc agg caa ata agc ttc ctc cac			537
	Val Ile Met Ile Leu Lys Arg Ser Thr Arg Gln Ile Ser Phe Leu His			
	145	150	155	160
30				
	gtt tat cat cat tct tca att tcc ctc att tgg tgg gct att gct cat			585
	Val Tyr His His Ser Ser Ile Ser Leu Ile Trp Trp Ala Ile Ala His			
	165	170	175	
35				
	cac gct cct ggc ggt gaa gca tat tgg tct gcg gct ctg aac tca gga			633
	His Ala Pro Gly Gly Glu Ala Tyr Trp Ser Ala Ala Leu Asn Ser Gly			
40	180	185	190	
45	gtg cat gtt ctc atg tat gcg tat tac ttc ttg gct gcc tgc ctt cga			681
	Val His Val Leu Met Tyr Ala Tyr Tyr Phe Leu Ala Ala Cys Leu Arg			
	195	200	205	
50				
	agt agc cca aag tta aaa aat aag tac ctt ttt tgg ggc agg tac ttg			729
	Ser Ser Pro Lys Leu Lys Asn Lys Tyr Leu Phe Trp Gly Arg Tyr Leu			
	210	215	220	
55				
	aca caa ttc caa atg ttc cag ttt atg ctg aac tta gtg cag gct tac			777
	Thr Gln Phe Gln Met Phe Gln Phe Met Leu Asn Leu Val Gln Ala Tyr			
60	225	230	235	240
	tac gac atg aaa acg aat gcg cca tat cca caa tgg ctg atc aag att			825
65	Tyr Asp Met Lys Thr Asn Ala Pro Tyr Pro Gln Trp Leu Ile Lys Ile			

# DE 102 19 203 A 1

245	250	255		
ttg ttc tac tac atg atc tcg ttg ctg ttt ctt ttc ggc aat ttt tac	873	5		
Leu Phe Tyr Tyr Met Ile Ser Leu Leu Phe Leu Phe Gly Asn Phe Tyr				
260	265	270		
10				
gta caa aaa tac atc aaa ccc tct gac gga aag caa aag gga gct aaa	921			
Val Gln Lys Tyr Ile Lys Pro Ser Asp Gly Lys Gln Lys Gly Ala Lys				
275	280	285		15
15				
act gag tga gctgtatcaa gccatagaaa ctctattatg ttagaacctg	970			
Thr Glu				20
290				
20				
aagttggtgc tttcttatct ccacttatct ttttaagcagc atcagttttg aaatgatgtg	1030			25
25				
tgggcgtggt ctgcaagtag tcatcaatat aatcggcctg agcacttcag atggattgtt	1090			
30				
agaacatgag taaaagcgggt tattacgggtg tttattttgt accaaatcac cgcacgggtg	1150			
30				
aattgaaata tttcagattt gatcaatttc atctgaaaaa aa	1192			35
35				
<210> 4				40
<211> 290				
<212> PRT				
<213> Physcomitrella patens				45
45				
<400> 4				
Met Glu Val Val Glu Arg Phe Tyr Gly Glu Leu Asp Gly Lys Val Ser				50
1	5	10	15	
50				
Gln Gly Val Asn Ala Leu Leu Gly Ser Phe Gly Val Glu Leu Thr Asp				55
20	25	30		
55				
Thr Pro Thr Thr Lys Gly Leu Pro Leu Val Asp Ser Pro Thr Pro Ile				60
35	40	45		
60				
Val Leu Gly Val Ser Val Tyr Leu Thr Ile Val Ile Gly Gly Leu Leu				65
50	55	60		
65				

# DE 102 19 203 A 1

Trp Ile Lys Ala Arg Asp Leu Lys Pro Arg Ala Ser Glu Pro Phe Leu  
 65 70 75 80  
 5 Leu Gln Ala Leu Val Leu Val His Asn Leu Phe Cys Phe Ala Leu Ser  
 85 90 95  
 10 Leu Tyr Met Cys Val Gly Ile Ala Tyr Gln Ala Ile Thr Trp Arg Tyr  
 100 105 110  
 15 Ser Leu Trp Gly Asn Ala Tyr Asn Pro Lys His Lys Glu Met Ala Ile  
 115 120 125  
 20 Leu Val Tyr Leu Phe Tyr Met Ser Lys Tyr Val Glu Phe Met Asp Thr  
 130 135 140  
 25 Val Ile Met Ile Leu Lys Arg Ser Thr Arg Gln Ile Ser Phe Leu His  
 145 150 155 160  
 30 Val Tyr His His Ser Ser Ile Ser Leu Ile Trp Trp Ala Ile Ala His  
 165 170 175  
 35 His Ala Pro Gly Gly Glu Ala Tyr Trp Ser Ala Ala Leu Asn Ser Gly  
 180 185 190  
 40 Val His Val Leu Met Tyr Ala Tyr Tyr Phe Leu Ala Ala Cys Leu Arg  
 195 200 205  
 45 Ser Ser Pro Lys Leu Lys Asn Lys Tyr Leu Phe Trp Gly Arg Tyr Leu  
 210 215 220  
 50 Thr Gln Phe Gln Met Phe Gln Phe Met Leu Asn Leu Val Gln Ala Tyr  
 225 230 235 240  
 55 Tyr Asp Met Lys Thr Asn Ala Pro Tyr Pro Gln Trp Leu Ile Lys Ile  
 245 250 255  
 60 Leu Phe Tyr Tyr Met Ile Ser Leu Leu Phe Leu Phe Gly Asn Phe Tyr  
 260 265 270

65

# DE 102 19 203 A 1

Val Gln Lys Tyr Ile Lys Pro Ser Asp Gly Lys Gln Lys Gly Ala Lys

275

280

285

Thr Glu

290

<210> 5

<211> 1054

<212> DNA

<213> Thraustochytrium

<220>

<221> CDS

<222> (43)..(858)

<223> Delta-6-Elongase

<400> 5

gaattcggca cgagagcgcg cggagcggag acctcggccg cg atg atg gag ccg 54

Met Met Glu Pro

1

ctc gac agg tac agg gcg ctg gcg gag ctc gcc gcg agg tac gcc agc 102

Leu Asp Arg Tyr Arg Ala Leu Ala Glu Leu Ala Ala Arg Tyr Ala Ser

5

10

15

20

tgc gcg gcc ttc aag tgg caa gtc acg tac gac gcc aag gac agc ttc 150

Ser Ala Ala Phe Lys Trp Gln Val Thr Tyr Asp Ala Lys Asp Ser Phe

25

30

35

gtc ggg ccc ctg gga atc cgg gag ccg ctc ggg ctc ctg gtg ggc tcc 198

Val Gly Pro Leu Gly Ile Arg Glu Pro Leu Gly Leu Leu Val Gly Ser

40

45

50

gtg gtc ctc tac ctg agc ctg ctg gcc gtg gtc tac gcg ctg cgg aac 246

Val Val Leu Tyr Leu Ser Leu Leu Ala Val Val Tyr Ala Leu Arg Asn

55

60

65

tac ctt ggc ggc ctc atg gcg ctc cgc agc gtg cat aac ctc ggg ctc 294

Tyr Leu Gly Gly Leu Met Ala Leu Arg Ser Val His Asn Leu Gly Leu

# DE 102 19 203 A 1

	70	75	80	
5	tgc ctc ttc tgc ggc gcc gtg tgg atc tac acg agc tac ctc atg atc			342
	Cys Leu Phe Ser Gly Ala Val Trp Ile Tyr Thr Ser Tyr Leu Met Ile			
	85	90	95	100
10	cag gat ggg cac ttt cgc agc ctc gag gcg gca acg tgc gag ccg ctc			390
	Gln Asp Gly His Phe Arg Ser Leu Glu Ala Ala Thr Cys Glu Pro Leu			
		105	110	115
15	aag cat ccg cac ttc cag ctc atc agc ttg ctc ttt gcg ctg tcc aag			438
	Lys His Pro His Phe Gln Leu Ile Ser Leu Leu Phe Ala Leu Ser Lys			
20		120	125	130
25	atc tgg gag tgg ttc gac acg gtg ctc ctc atc gtc aag ggc aac aag			486
	Ile Trp Glu Trp Phe Asp Thr Val Leu Leu Ile Val Lys Gly Asn Lys			
	135	140	145	
30	ctc cgc ttc ctg cac gtc ttg cac cac gcc acg acc ttt tgg ctc tac			534
	Leu Arg Phe Leu His Val Leu His His Ala Thr Thr Phe Trp Leu Tyr			
	150	155	160	
35	gcc atc gac cac atc ttt ctc tgc tcc atc aag tac ggc gtc gcg gtc			582
	Ala Ile Asp His Ile Phe Leu Ser Ser Ile Lys Tyr Gly Val Ala Val			
40	165	170	175	180
45	aat gct ttc atc cac acc gtc atg tac gcg cac tac ttc cgc cca ttc			630
	Asn Ala Phe Ile His Thr Val Met Tyr Ala His Tyr Phe Arg Pro Phe			
		185	190	195
50	ccg aag ggc ttg cgc ccg ctt att acg cag ttg cag atc gtc cag ttc			678
	Pro Lys Gly Leu Arg Pro Leu Ile Thr Gln Leu Gln Ile Val Gln Phe			
		200	205	210
55	att ttc agc atc ggc atc cat acc gcc att tac tgg cac tac gac tgc			726
	Ile Phe Ser Ile Gly Ile His Thr Ala Ile Tyr Trp His Tyr Asp Cys			
60		215	220	225
65	gag ccg ctc gtg cat acc cac ttt tgg gaa tac gtc acg ccc tac ctt			774
	Glu Pro Leu Val His Thr His Phe Trp Glu Tyr Val Thr Pro Tyr Leu			



# DE 102 19 203 A 1

230	235	240		
ttc gtc gtg ccc ttc ctc atc ctc ttt ttc aat ttt tac ctg cag cag			822	5
Phe Val Val Pro Phe Leu Ile Leu Phe Phe Asn Phe Tyr Leu Gln Gln				
245	250	255	260	
tac gtc ctc gcg ccc gca aaa acc aag aag gca tag ccacgtaaca			868	10
Tyr Val Leu Ala Pro Ala Lys Thr Lys Lys Ala				
265	270			15
gtagaccagc agcgccgagg acgcgtgccg cgttatcgcg aagcacgaaa taaagaagat			928	
catttgattc aacgaggcta cttgcggcca cgagaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa			988	20
aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa			1048	25
ctcgag			1054	
				30
<210> 6				
<211> 271				35
<212> PRT				
<213> Thraustochytrium				
				40
<400> 6				
Met Met Glu Pro Leu Asp Arg Tyr Arg Ala Leu Ala Glu Leu Ala Ala				
1	5	10	15	45
Arg Tyr Ala Ser Ser Ala Ala Phe Lys Trp Gln Val Thr Tyr Asp Ala				
20	25	30		50
Lys Asp Ser Phe Val Gly Pro Leu Gly Ile Arg Glu Pro Leu Gly Leu				
35	40	45		55
Leu Val Gly Ser Val Val Leu Tyr Leu Ser Leu Leu Ala Val Val Tyr				
50	55	60		60
Ala Leu Arg Asn Tyr Leu Gly Gly Leu Met Ala Leu Arg Ser Val His				
65	70	75	80	65

# DE 102 19 203 A 1

Asn Leu Gly Leu Cys Leu Phe Ser Gly Ala Val Trp Ile Tyr Thr Ser  
85 90 95

5

Tyr Leu Met Ile Gln Asp Gly His Phe Arg Ser Leu Glu Ala Ala Thr  
100 105 110

10

Cys Glu Pro Leu Lys His Pro His Phe Gln Leu Ile Ser Leu Leu Phe  
115 120 125

15

Ala Leu Ser Lys Ile Trp Glu Trp Phe Asp Thr Val Leu Leu Ile Val  
130 135 140

20

Lys Gly Asn Lys Leu Arg Phe Leu His Val Leu His His Ala Thr Thr  
145 150 155 160

25

Phe Trp Leu Tyr Ala Ile Asp His Ile Phe Leu Ser Ser Ile Lys Tyr  
165 170 175

30

Gly Val Ala Val Asn Ala Phe Ile His Thr Val Met Tyr Ala His Tyr  
180 185 190

35

Phe Arg Pro Phe Pro Lys Gly Leu Arg Pro Leu Ile Thr Gln Leu Gln  
195 200 205

40

Ile Val Gln Phe Ile Phe Ser Ile Gly Ile His Thr Ala Ile Tyr Trp  
210 215 220

45

His Tyr Asp Cys Glu Pro Leu Val His Thr His Phe Trp Glu Tyr Val  
225 230 235 240

50

Thr Pro Tyr Leu Phe Val Val Pro Phe Leu Ile Leu Phe Phe Asn Phe  
245 250 255

55

Tyr Leu Gln Gln Tyr Val Leu Ala Pro Ala Lys Thr Lys Lys Ala  
260 265 270

60

<210> 7

<211> 2040

65

<212> DNA

# DE 102 19 203 A 1

<213> Ceratodon purpureus

<220>

5

<221> CDS

<222> (176)..(1627)

<223> Delta-6-Desaturase

10

<400> 7

ctcaggcagg tctcagttga tgagacgctg agttctgaat cctttgagct gtgtcaggct 60

15

cggcacttgt gggatgggtga aggagtgatc gatcaggagt gcaggagctg cattagtttc 120

20

tcagggtcga tcagggttatt ctgaaaaagg ctgcgtctgt gagcagtttg caaaa atg 178

Met

1

25

gcc ctc gtt acc gac ttt ctg aac ttt ctg ggc acg aca tgg agc aag 226

Ala Leu Val Thr Asp Phe Leu Asn Phe Leu Gly Thr Thr Trp Ser Lys

30

5

10

15

tac agc gtg tac acc cat agc tat gct gga aac tat ggg cct act ttg 274

35

Tyr Ser Val Tyr Thr His Ser Tyr Ala Gly Asn Tyr Gly Pro Thr Leu

20

25

30

40

aag cac gcc aaa aag gtt tct gct caa ggt aaa act gcg gga cag aca 322

Lys His Ala Lys Lys Val Ser Ala Gln Gly Lys Thr Ala Gly Gln Thr

35

40

45

45

ctg aga cag aga tcg gtg cag gac aaa aag cca ggc act tac tct ctg 370

Leu Arg Gln Arg Ser Val Gln Asp Lys Lys Pro Gly Thr Tyr Ser Leu

50

55

60

65

50

gcc gat gtt gct tct cac gac agg cct gga gac tgc tgg atg atc gtc 418

55

Ala Asp Val Ala Ser His Asp Arg Pro Gly Asp Cys Trp Met Ile Val

70

75

80

60

aaa gag aag gtg tat gat att agc cgt ttt gcg gac gac cac cct gga 466

Lys Glu Lys Val Tyr Asp Ile Ser Arg Phe Ala Asp Asp His Pro Gly

85

90

95

65

# DE 102 19 203 A 1

5                   100                   105                   110                   514  
 ggg acg gta att agc acc tac ttt ggg cgg gat ggc aca gac gtt ttc  
 Gly Thr Val Ile Ser Thr Tyr Phe Gly Arg Asp Gly Thr Asp Val Phe  
  
 10                   115                   120                   125                   562  
 gca aca ttc cat cca cct gcc gca tgg aag caa ctc aat gac tac tac  
 Ala Thr Phe His Pro Pro Ala Ala Trp Lys Gln Leu Asn Asp Tyr Tyr  
  
 15                   130                   135                   140                   145                   610  
 att gga gac ctt gct agg gaa gag ccc ctt gat gaa ttg ctt aaa gac  
 Ile Gly Asp Leu Ala Arg Glu Glu Pro Leu Asp Glu Leu Leu Lys Asp  
  
 20                   150                   155                   160                   658  
 tac aga gat atg aga gcc gag ttt gtt aga gaa ggg ctt ttc aag agt  
 Tyr Arg Asp Met Arg Ala Glu Phe Val Arg Glu Gly Leu Phe Lys Ser  
  
 25                   165                   170                   175                   706  
 tcc aag gcc tgg ttc ctg ctt cag act ctg att aat gca gct ctc ttt  
 Ser Lys Ala Trp Phe Leu Leu Gln Thr Leu Ile Asn Ala Ala Leu Phe  
  
 30                   180                   185                   190                   754  
 gct gcg agc att gcg act atc tgt tac gac aag agt tac tgg gct att  
 Ala Ala Ser Ile Ala Thr Ile Cys Tyr Asp Lys Ser Tyr Trp Ala Ile  
  
 35                   195                   200                   205                   802  
 gtg ctg tca gcc agt ttg atg ggt ctc ttc gtc caa cag tgt gga tgg  
 Val Leu Ser Ala Ser Leu Met Gly Leu Phe Val Gln Gln Cys Gly Trp  
  
 40                   210                   215                   220                   225                   850  
 ctt gcc cat gat ttc ctt cat caa cag gtc ttt gag aac cgt acc gcg  
 Leu Ala His Asp Phe Leu His Gln Gln Val Phe Glu Asn Arg Thr Ala  
  
 45                   230                   235                   240                   898  
 aac tcc ttc ttt ggc tat ttg ttc ggc aat tgc gtg ctt ggc ttt agt  
 Asn Ser Phe Phe Gly Tyr Leu Phe Gly Asn Cys Val Leu Gly Phe Ser  
  
 50                   245                   250                   255                   946  
 gta tca tgg tgg agg acg aag cac aac att cat cat act gct ccg aat  
 Val Ser Trp Trp Arg Thr Lys His Asn Ile His His Thr Ala Pro Asn  
  
 55                   260                   265                   270                   946  
 gta tca tgg tgg agg acg aag cac aac att cat cat act gct ccg aat  
 Val Ser Trp Trp Arg Thr Lys His Asn Ile His His Thr Ala Pro Asn

# DE 102 19 203 A 1

gag tgc gac gaa cag tac aca cct cta gac gaa gac att gat act ctc	994	
Glu Cys Asp Glu Gln Tyr Thr Pro Leu Asp Glu Asp Ile Asp Thr Leu		
260 265 270		5
ccc atc att gcc tgg agc aag gaa att ttg gcc acc gtt gag agc aag	1042	
Pro Ile Ile Ala Trp Ser Lys Glu Ile Leu Ala Thr Val Glu Ser Lys		10
275 280 285		
aga att ttg cga gtg ctt caa tat cag cac tac atg att ctg cct cta	1090	15
Arg Ile Leu Arg Val Leu Gln Tyr Gln His Tyr Met Ile Leu Pro Leu		
290 295 300 305		
ttg ttc atg gcc cgg tac agt tgg act ttt gga agt ttg ctc ttc aca	1138	20
Leu Phe Met Ala Arg Tyr Ser Trp Thr Phe Gly Ser Leu Leu Phe Thr		
310 315 320		25
ttc aat cct gat ttg agc acg acc aag gga ttg ata gag aag gga aca	1186	
Phe Asn Pro Asp Leu Ser Thr Thr Lys Gly Leu Ile Glu Lys Gly Thr		30
325 330 335		
gtt gct ttt cac tac gcc tgg ttc agt tgg gct gcg ttc cat att ttg	1234	35
Val Ala Phe His Tyr Ala Trp Phe Ser Trp Ala Ala Phe His Ile Leu		
340 345 350		
ccg ggt gtc gct aag cct ctt gcg tgg atg gta gca act gag ctt gtg	1282	40
Pro Gly Val Ala Lys Pro Leu Ala Trp Met Val Ala Thr Glu Leu Val		
355 360 365		45
gcc ggt ttg ttg ttg gga ttc gtg ttt acg ttg agt cac aat gga aag	1330	
Ala Gly Leu Leu Leu Gly Phe Val Phe Thr Leu Ser His Asn Gly Lys		50
370 375 380 385		
gag gtt tac aat gaa tcg aag gac ttc gtg aga gcc cag gtt att acc	1378	55
Glu Val Tyr Asn Glu Ser Lys Asp Phe Val Arg Ala Gln Val Ile Thr		
390 395 400		
acc cgt aac acc aag cga ggc tgg ttc aac gat tgg ttc act ggg gga	1426	60
Thr Arg Asn Thr Lys Arg Gly Trp Phe Asn Asp Trp Phe Thr Gly Gly		
405 410 415		65

# DE 102 19 203 A 1

ctc gac acc cag att gag cat cac ctg ttt cca aca atg ccc agg cac 1474  
 Leu Asp Thr Gln Ile Glu His His Leu Phe Pro Thr Met Pro Arg His  
 5 420 425 430  
  
 aac tac ccc aag atc gca cct cag gtc gag gct ctt tgc aag aag cac 1522  
 10 Asn Tyr Pro Lys Ile Ala Pro Gln Val Glu Ala Leu Cys Lys Lys His  
 435 440 445  
  
 ggc ctc gag tac gat aat gtc tcc gtc gtt ggt gcc tct gtc gcg gtt 1570  
 Gly Leu Glu Tyr Asp Asn Val Ser Val Val Gly Ala Ser Val Ala Val  
 15 450 455 460 465  
  
 gtg aag gcg ctc aag gaa att gct gat gaa gcg tca att cgg ctt cac 1618  
 Val Lys Ala Leu Lys Glu Ile Ala Asp Glu Ala Ser Ile Arg Leu His  
 20 470 475 480  
  
 gct cac taa gaaatcgctg aactttgact attcattttt ttcgcctggc 1667  
 30 Ala His  
  
 tacctcaaat gttcgggagc aggtgcttgg cagtgtgttc aaccggagcg cactgaaaat 1727  
 35 gtgcagaatc catttccaga aattaccatt cctagctaaa tcttcttttt accaggtcgg 1787  
  
 atatatgaaa cttttttgat gcaacaagta gcattcaatt gaagacattg ttcgagatat 1847  
 40 aattcgcagt gtttctattc agcgggcata cgtactagtc catatcggcg gttgccgaga 1907  
  
 gtttacatta ttagttggca caacgagtag atctagtgtgta aatttctatt tccgcatgta 1967  
 45 atattactct gaatatatac cgttatctat tttcctaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 2027  
 50 aaaaaaaaaa aaa 2040  
 55  
  
 <210> 8  
 <211> 483  
 60 <212> PRT  
 <213> Ceratodon purpureus  
 65 <400> 8

# DE 102 19 203 A 1

Met	Ala	Leu	Val	Thr	Asp	Phe	Leu	Asn	Phe	Leu	Gly	Thr	Thr	Trp	Ser	5
1				5					10					15		
Lys	Tyr	Ser	Val	Tyr	Thr	His	Ser	Tyr	Ala	Gly	Asn	Tyr	Gly	Pro	Thr	10
			20					25					30			
Leu	Lys	His	Ala	Lys	Lys	Val	Ser	Ala	Gln	Gly	Lys	Thr	Ala	Gly	Gln	15
			35				40					45				
Thr	Leu	Arg	Gln	Arg	Ser	Val	Gln	Asp	Lys	Lys	Pro	Gly	Thr	Tyr	Ser	20
			50				55					60				
Leu	Ala	Asp	Val	Ala	Ser	His	Asp	Arg	Pro	Gly	Asp	Cys	Trp	Met	Ile	25
			65				70				75			80		
Val	Lys	Glu	Lys	Val	Tyr	Asp	Ile	Ser	Arg	Phe	Ala	Asp	Asp	His	Pro	30
				85					90					95		
Gly	Gly	Thr	Val	Ile	Ser	Thr	Tyr	Phe	Gly	Arg	Asp	Gly	Thr	Asp	Val	35
			100						105				110			
Phe	Ala	Thr	Phe	His	Pro	Pro	Ala	Ala	Trp	Lys	Gln	Leu	Asn	Asp	Tyr	40
			115					120				125				
Tyr	Ile	Gly	Asp	Leu	Ala	Arg	Glu	Glu	Pro	Leu	Asp	Glu	Leu	Leu	Lys	45
			130				135				140					
Asp	Tyr	Arg	Asp	Met	Arg	Ala	Glu	Phe	Val	Arg	Glu	Gly	Leu	Phe	Lys	50
			145				150				155			160		
Ser	Ser	Lys	Ala	Trp	Phe	Leu	Leu	Gln	Thr	Leu	Ile	Asn	Ala	Ala	Leu	55
				165					170				175			
Phe	Ala	Ala	Ser	Ile	Ala	Thr	Ile	Cys	Tyr	Asp	Lys	Ser	Tyr	Trp	Ala	60
			180					185					190			
Ile	Val	Leu	Ser	Ala	Ser	Leu	Met	Gly	Leu	Phe	Val	Gln	Gln	Cys	Gly	65
			195				200					205				
Trp	Leu	Ala	His	Asp	Phe	Leu	His	Gln	Gln	Val	Phe	Glu	Asn	Arg	Thr	

# DE 102 19 203 A 1

	210	215	220	
5	Ala Asn Ser Phe Phe Gly Tyr Leu Phe Gly Asn Cys Val Leu Gly Phe			
	225	230	235	240
10	Ser Val Ser Trp Trp Arg Thr Lys His Asn Ile His His Thr Ala Pro			
		245	250	255
15	Asn Glu Cys Asp Glu Gln Tyr Thr Pro Leu Asp Glu Asp Ile Asp Thr			
		260	265	270
20	Leu Pro Ile Ile Ala Trp Ser Lys Glu Ile Leu Ala Thr Val Glu Ser			
		275	280	285
25	Lys Arg Ile Leu Arg Val Leu Gln Tyr Gln His Tyr Met Ile Leu Pro			
		290	295	300
30	Leu Leu Phe Met Ala Arg Tyr Ser Trp Thr Phe Gly Ser Leu Leu Phe			
		305	310	315
35	Thr Phe Asn Pro Asp Leu Ser Thr Thr Lys Gly Leu Ile Glu Lys Gly			
		325	330	335
40	Thr Val Ala Phe His Tyr Ala Trp Phe Ser Trp Ala Ala Phe His Ile			
		340	345	350
45	Leu Pro Gly Val Ala Lys Pro Leu Ala Trp Met Val Ala Thr Glu Leu			
		355	360	365
50	Val Ala Gly Leu Leu Leu Gly Phe Val Phe Thr Leu Ser His Asn Gly			
		370	375	380
55	Lys Glu Val Tyr Asn Glu Ser Lys Asp Phe Val Arg Ala Gln Val Ile			
		385	390	395
60	Thr Thr Arg Asn Thr Lys Arg Gly Trp Phe Asn Asp Trp Phe Thr Gly			
		405	410	415
65	Gly Leu Asp Thr Gln Ile Glu His His Leu Phe Pro Thr Met Pro Arg			
		420	425	430



# DE 102 19 203 A 1

His Asn Tyr Pro Lys Ile Ala Pro Gln Val Glu Ala Leu Cys Lys Lys  
 435 440 445

His Gly Leu Glu Tyr Asp Asn Val Ser Val Val Gly Ala Ser Val Ala  
 450 455 460

Val Val Lys Ala Leu Lys Glu Ile Ala Asp Glu Ala Ser Ile Arg Leu  
 465 470 475 480

His Ala His

<210> 9

<211> 1467

<212> DNA

<213> Ceratodon purpureus

<220>

<221> CDS

<222> (10)..(1461)

<223> Delta-6-Desaturase

<400> 9

ggatccaaa atg gcc ctc gtt acc gac ttt ctg aac ttt ctg ggc acg aca 51

Met Ala Leu Val Thr Asp Phe Leu Asn Phe Leu Gly Thr Thr

1

5

10

tgg agc aag tac agc gtg tac acc cat agc tat gct gga aac tat ggg 99

Trp Ser Lys Tyr Ser Val Tyr Thr His Ser Tyr Ala Gly Asn Tyr Gly

15

20

25

30

cct act ttg aag cac gcc aaa aag gtt tct gct caa ggt aaa act gcg 147

Pro Thr Leu Lys His Ala Lys Lys Val Ser Ala Gln Gly Lys Thr Ala

35

40

45

gga cag aca ctg aga cag aga tcg gtg cag gac aaa aag cca ggc act 195

Gly Gln Thr Leu Arg Gln Arg Ser Val Gln Asp Lys Lys Pro Gly Thr

50

55

60

# DE 102 19 203 A 1

	tac tct ctg gcc gat gtt gct tct cac gac agg cct gga gac tgc tgg	243
	Tyr Ser Leu Ala Asp Val Ala Ser His Asp Arg Pro Gly Asp Cys Trp	
5	65 70 75	
	atg atc gtc aaa gag aag gtg tat gat att agc cgt ttt gcg gac gac	291
10	Met Ile Val Lys Glu Lys Val Tyr Asp Ile Ser Arg Phe Ala Asp Asp	
	80 85 90	
	cac cct gga ggg acg gta att agc acc tac ttt ggg cgg gat ggc aca	339
15	His Pro Gly Gly Thr Val Ile Ser Thr Tyr Phe Gly Arg Asp Gly Thr	
	95 100 105 110	
	gac gtt ttc gca aca ttc cat cca cct gcc gca tgg aag caa ctc aat	387
20	Asp Val Phe Ala Thr Phe His Pro Pro Ala Ala Trp Lys Gln Leu Asn	
	115 120 125	
25		
	gac tac tac att gga gac ctt gct agg gaa gag ccc ctt gat gaa ttg	435
30	Asp Tyr Tyr Ile Gly Asp Leu Ala Arg Glu Glu Pro Leu Asp Glu Leu	
	130 135 140	
	ctt aaa gac tac aga gat atg aga gcc gag ttt gtt aga gaa ggg ctt	483
35	Leu Lys Asp Tyr Arg Asp Met Arg Ala Glu Phe Val Arg Glu Gly Leu	
	145 150 155	
	ttc aag agt tcc aag gcc tgg ttc ctg ctt cag act ctg att aat gca	531
40	Phe Lys Ser Ser Lys Ala Trp Phe Leu Leu Gln Thr Leu Ile Asn Ala	
	160 165 170	
45		
	gct ctc ttt gct gcg agc att gcg act atc tgt tac gac aag agt tac	579
50	Ala Leu Phe Ala Ala Ser Ile Ala Thr Ile Cys Tyr Asp Lys Ser Tyr	
	175 180 185 190	
	tgg gct att gtg ctg tca gcc agt ttg atg ggt ctc ttc gtc caa cag	627
55	Trp Ala Ile Val Leu Ser Ala Ser Leu Met Gly Leu Phe Val Gln Gln	
	195 200 205	
	tgt gga tgg ctt gcc cat gat ttc ctt cat caa cag gtc ttt gag aac	675
60	Cys Gly Trp Leu Ala His Asp Phe Leu His Gln Gln Val Phe Glu Asn	
	210 215 220	
65		

# DE 102 19 203 A 1

cgt acc gcg aac tcc ttc ttt ggc tat ttg ttc ggc aat tgc gtg ctt	723	
Arg Thr Ala Asn Ser Phe Phe Gly Tyr Leu Phe Gly Asn Cys Val Leu		
225 230 235		5
ggc ttt agt gta tca tgg tgg agg acg aag cac aac att cat cat act	771	
Gly Phe Ser Val Ser Trp Trp Arg Thr Lys His Asn Ile His His Thr		10
240 245 250		
gct ccg aat gag tgc gac gaa cag tac aca cct cta gac gaa gac att	819	15
Ala Pro Asn Glu Cys Asp Glu Gln Tyr Thr Pro Leu Asp Glu Asp Ile		
255 260 265 270		
gat act ctc ccc atc att gcc tgg agc aag gaa att ttg gcc acc gtt	867	20
Asp Thr Leu Pro Ile Ile Ala Trp Ser Lys Glu Ile Leu Ala Thr Val		
275 280 285		25
gag agc aag aga att ttg cga gtg ctt caa tat cag cac tac atg att	915	
Glu Ser Lys Arg Ile Leu Arg Val Leu Gln Tyr Gln His Tyr Met Ile		30
290 295 300		
ctg cct cta ttg ttc atg gcc cgg tac agt tgg act ttt gga agt ttg	963	35
Leu Pro Leu Leu Phe Met Ala Arg Tyr Ser Trp Thr Phe Gly Ser Leu		
305 310 315		
ctc ttc aca ttc aat cct gat ttg agc acg acc aag gga ttg ata gag	1011	40
Leu Phe Thr Phe Asn Pro Asp Leu Ser Thr Thr Lys Gly Leu Ile Glu		
320 325 330		45
aag gga aca gtt gct ttt cac tac gcc tgg ttc agt tgg gct gcg ttc	1059	
Lys Gly Thr Val Ala Phe His Tyr Ala Trp Phe Ser Trp Ala Ala Phe		50
335 340 345 350		
cat att ttg ccg ggt gtc gct aag cct ctt gcg tgg atg gta gca act	1107	55
His Ile Leu Pro Gly Val Ala Lys Pro Leu Ala Trp Met Val Ala Thr		
355 360 365		
gag ctt gtg gcc ggt ttg ttg ttg gga ttc gtg ttt acg ttg agt cac	1155	60
Glu Leu Val Ala Gly Leu Leu Leu Gly Phe Val Phe Thr Leu Ser His		
370 375 380		65

# DE 102 19 203 A 1

aat gga aag gag gtt tac aat gaa tcg aag gac ttc gtg aga gcc cag 1203  
 Asn Gly Lys Glu Val Tyr Asn Glu Ser Lys Asp Phe Val Arg Ala Gln  
 5 385 390 395  
  
 gtt att acc acc cgt aac acc aag cga ggc tgg ttc aac gat tgg ttc 1251  
 10 Val Ile Thr Thr Arg Asn Thr Lys Arg Gly Trp Phe Asn Asp Trp Phe  
 400 405 410  
  
 act ggg gga ctc gac acc cag att gag cat cac ctg ttt cca aca atg 1299  
 15 Thr Gly Gly Leu Asp Thr Gln Ile Glu His His Leu Phe Pro Thr Met  
 415 420 425 430  
  
 ccc agg cac aac tac ccc aag atc gca cct cag gtc gag gct ctt tgc 1347  
 20 Pro Arg His Asn Tyr Pro Lys Ile Ala Pro Gln Val Glu Ala Leu Cys  
 25 435 440 445  
  
 aag aag cac ggc ctc gag tac gat aat gtc tcc gtc gtt ggt gcc tct 1395  
 30 Lys Lys His Gly Leu Glu Tyr Asp Asn Val Ser Val Val Gly Ala Ser  
 450 455 460  
  
 gtc gcg gtt gtg aag gcg ctc aag gaa att gct gat gaa gcg tca att 1443  
 35 Val Ala Val Val Lys Ala Leu Lys Glu Ile Ala Asp Glu Ala Ser Ile  
 465 470 475  
  
 cgg ctt cac gct cac taa gtcgac 1467  
 40 Arg Leu His Ala His  
 45 480  
  
 <210> 10  
 50 <211> 483  
 <212> PRT  
 55 <213> Ceratodon purpureus  
  
 <400> 10  
 Met Ala Leu Val Thr Asp Phe Leu Asn Phe Leu Gly Thr Thr Trp Ser  
 60 1 5 10 15  
  
 Lys Tyr Ser Val Tyr Thr His Ser Tyr Ala Gly Asn Tyr Gly Pro Thr  
 65 20 25 30

# DE 102 19 203 A 1

Leu Lys His Ala Lys Lys Val Ser Ala Gln Gly Lys Thr Ala Gly Gln	35	40	45
Thr Leu Arg Gln Arg Ser Val Gln Asp Lys Lys Pro Gly Thr Tyr Ser	50	55	60
Leu Ala Asp Val Ala Ser His Asp Arg Pro Gly Asp Cys Trp Met Ile	65	70	75 80
Val Lys Glu Lys Val Tyr Asp Ile Ser Arg Phe Ala Asp Asp His Pro	85	90	95
Gly Gly Thr Val Ile Ser Thr Tyr Phe Gly Arg Asp Gly Thr Asp Val	100	105	110
Phe Ala Thr Phe His Pro Pro Ala Ala Trp Lys Gln Leu Asn Asp Tyr	115	120	125
Tyr Ile Gly Asp Leu Ala Arg Glu Glu Pro Leu Asp Glu Leu Leu Lys	130	135	140
Asp Tyr Arg Asp Met Arg Ala Glu Phe Val Arg Glu Gly Leu Phe Lys	145	150	155 160
Ser Ser Lys Ala Trp Phe Leu Leu Gln Thr Leu Ile Asn Ala Ala Leu	165	170	175
Phe Ala Ala Ser Ile Ala Thr Ile Cys Tyr Asp Lys Ser Tyr Trp Ala	180	185	190
Ile Val Leu Ser Ala Ser Leu Met Gly Leu Phe Val Gln Gln Cys Gly	195	200	205
Trp Leu Ala His Asp Phe Leu His Gln Gln Val Phe Glu Asn Arg Thr	210	215	220
Ala Asn Ser Phe Phe Gly Tyr Leu Phe Gly Asn Cys Val Leu Gly Phe	225	230	235 240

# DE 102 19 203 A 1

Ser Val Ser Trp Trp Arg Thr Lys His Asn Ile His His Thr Ala Pro  
 245 250 255  
 5 Asn Glu Cys Asp Glu Gln Tyr Thr Pro Leu Asp Glu Asp Ile Asp Thr  
 260 265 270  
 10 Leu Pro Ile Ile Ala Trp Ser Lys Glu Ile Leu Ala Thr Val Glu Ser  
 275 280 285  
 15 Lys Arg Ile Leu Arg Val Leu Gln Tyr Gln His Tyr Met Ile Leu Pro  
 290 295 300  
 20 Leu Leu Phe Met Ala Arg Tyr Ser Trp Thr Phe Gly Ser Leu Leu Phe  
 305 310 315 320  
 25 Thr Phe Asn Pro Asp Leu Ser Thr Thr Lys Gly Leu Ile Glu Lys Gly  
 325 330 335  
 30 Thr Val Ala Phe His Tyr Ala Trp Phe Ser Trp Ala Ala Phe His Ile  
 340 345 350  
 35 Leu Pro Gly Val Ala Lys Pro Leu Ala Trp Met Val Ala Thr Glu Leu  
 355 360 365  
 40 Val Ala Gly Leu Leu Leu Gly Phe Val Phe Thr Leu Ser His Asn Gly  
 370 375 380  
 45 Lys Glu Val Tyr Asn Glu Ser Lys Asp Phe Val Arg Ala Gln Val Ile  
 385 390 395 400  
 50 Thr Thr Arg Asn Thr Lys Arg Gly Trp Phe Asn Asp Trp Phe Thr Gly  
 405 410 415  
 55 Gly Leu Asp Thr Gln Ile Glu His His Leu Phe Pro Thr Met Pro Arg  
 420 425 430  
 60 His Asn Tyr Pro Lys Ile Ala Pro Gln Val Glu Ala Leu Cys Lys Lys  
 435 440 445  
 65 His Gly Leu Glu Tyr Asp Asn Val Ser Val Val Gly Ala Ser Val Ala

# DE 102 19 203 A 1

450	455	460	
Val Val Lys Ala Leu Lys Glu Ile Ala Asp Glu Ala Ser Ile Arg Leu			5
465	470	475	480
His Ala His			10
<210> 11			15
<211> 2160			
<212> DNA			
<213> Ceratodon purpureus			20
<220>			
<221> CDS			25
<222> (159)..(1721)			
<223> Delta-6-Desaturase			30
<400> 11			
cggaggtctc ttgtcgttct tggagtctgt gtcgagcttg gaatgcggta ggcgcggccg	60		
tttcgtgggtt ttggcgttgg cattgcgcga gggcggacag tgggagtgcg ggaggtctgt	120		
ttgtgcatga cgaggtgggt gtaatcttcg ccggcaga atg gtg tcc cag ggc ggc	176		
Met Val Ser Gln Gly Gly			40
1 5			
ggt ctc tcg cag ggt tcc att gaa gaa aac att gac gtt gag cac ttg	224		
Gly Leu Ser Gln Gly Ser Ile Glu Glu Asn Ile Asp Val Glu His Leu			
10 15 20			50
gca acg atg ccc ctc gtc agt gac ttc cta aat gtc ctg gga acg act	272		
Ala Thr Met Pro Leu Val Ser Asp Phe Leu Asn Val Leu Gly Thr Thr			55
25 30 35			
ttg ggc cag tgg agt ctt tcc act aca ttc gct ttc aag agg ctc acg	320		
Leu Gly Gln Trp Ser Leu Ser Thr Thr Phe Ala Phe Lys Arg Leu Thr			60
40 45 50			
act aag aaa cac agt tcg gac atc tcg gtg gag gca caa aaa gaa tcg	368		
			65

# DE 102 19 203 A 1

Thr Lys Lys His Ser Ser Asp Ile Ser Val Glu Ala Gln Lys Glu Ser  
 55 60 65 70  
 5 gtt gcg cgg ggg cca gtt gag aat att tct caa tcg gtt gcg cag ccc 416  
 Val Ala Arg Gly Pro Val Glu Asn Ile Ser Gln Ser Val Ala Gln Pro  
 75 80 85  
 10 atc agg cgg agg tgg gtg cag gat aaa aag ccg gtt act tac agc ctg 464  
 15 Ile Arg Arg Arg Trp Val Gln Asp Lys Lys Pro Val Thr Tyr Ser Leu  
 90 95 100  
 20 aag gat gta gct tcg cac gat atg ccc cag gac tgc tgg att ata atc 512  
 Lys Asp Val Ala Ser His Asp Met Pro Gln Asp Cys Trp Ile Ile Ile  
 105 110 115  
 25 aaa gag aag gtg tat gat gtg agc acc ttc gct gag cag cac cct gga 560  
 Lys Glu Lys Val Tyr Asp Val Ser Thr Phe Ala Glu Gln His Pro Gly  
 120 125 130  
 30 ggc acg gtt atc aac acc tac ttc gga cga gac gcc aca gat gtt ttc 608  
 35 Gly Thr Val Ile Asn Thr Tyr Phe Gly Arg Asp Ala Thr Asp Val Phe  
 135 140 145 150  
 40 tct act ttc cac gca tcc acc tca tgg aag att ctt cag aat ttc tac 656  
 Ser Thr Phe His Ala Ser Thr Ser Trp Lys Ile Leu Gln Asn Phe Tyr  
 155 160 165  
 45 atc ggg aac ctt gtt agg gag gag ccg act ttg gag ctg ctg aag gag 704  
 Ile Gly Asn Leu Val Arg Glu Glu Pro Thr Leu Glu Leu Leu Lys Glu  
 170 175 180  
 50 tac aga gag ttg aga gcc ctt ttc ttg aga gaa cag ctt ttc aag agt 752  
 Tyr Arg Glu Leu Arg Ala Leu Phe Leu Arg Glu Gln Leu Phe Lys Ser  
 185 190 195  
 55 tcc aaa tcc tac tac ctt ttc aag act ctc ata aat gtt tcc att gtt 800  
 Ser Lys Ser Tyr Tyr Leu Phe Lys Thr Leu Ile Asn Val Ser Ile Val  
 200 205 210  
 65 gcc aca agc att gcg ata atc agt ctg tac aag tct tac cgg gcg gtt 848



# DE 102 19 203 A 1

Ala Thr Ser Ile Ala Ile Ile Ser Leu Tyr Lys Ser Tyr Arg Ala Val		
215	220	225 230
5		
ctg tta tca gcc agt ttg atg ggc ttg ttt att caa cag tgc gga tgg	896	
Leu Leu Ser Ala Ser Leu Met Gly Leu Phe Ile Gln Gln Cys Gly Trp		
235	240	245 10
15		
ttg tct cac gat ttt cta cac cat cag gta ttt gag aca cgc tgg ctc	944	
Leu Ser His Asp Phe Leu His His Gln Val Phe Glu Thr Arg Trp Leu		
250	255	260
20		
aat gac gtt gtt ggc tat gtg gtc ggc aac gtt gtt ctg gga ttc agt	992	
Asn Asp Val Val Gly Tyr Val Val Gly Asn Val Val Leu Gly Phe Ser		
265	270	275
25		
gtc tcg tgg tgg aag acc aag cac aac ctg cat cat gct gct ccg aat	1040	
Val Ser Trp Trp Lys Thr Lys His Asn Leu His His Ala Ala Pro Asn		
280	285	290 30
35		
gaa tgc gac caa aag tac aca ccg att gat gag gat att gat act ctc	1088	
Glu Cys Asp Gln Lys Tyr Thr Pro Ile Asp Glu Asp Ile Asp Thr Leu		
295	300	305 310
40		
ccc atc att gct tgg agt aaa gat ctc ttg gcc act gtt gag agc aag	1136	
Pro Ile Ile Ala Trp Ser Lys Asp Leu Leu Ala Thr Val Glu Ser Lys		
315	320	325
45		
acc atg ttg cga gtt ctt cag tac cag cac cta ttc ttt ttg gtt ctt	1184	
Thr Met Leu Arg Val Leu Gln Tyr Gln His Leu Phe Phe Leu Val Leu		
330	335	340 50
55		
ttg acg ttt gcc cgg gcg agt tgg cta ttt tgg agc gcg gcc ttc act	1232	
Leu Thr Phe Ala Arg Ala Ser Trp Leu Phe Trp Ser Ala Ala Phe Thr		
345	350	355
60		
ctc agg ccc gag ttg acc ctt ggc gag aag ctt ttg gag agg gga acg	1280	
Leu Arg Pro Glu Leu Thr Leu Gly Glu Lys Leu Leu Glu Arg Gly Thr		
360	365	370
65		
atg gct ttg cac tac att tgg ttt aat agt gtt gcg ttt tat ctg ctc	1328	

# DE 102 19 203 A 1

Met Ala Leu His Tyr Ile Trp Phe Asn Ser Val Ala Phe Tyr Leu Leu  
 375 380 385 390

5  
 ccc gga tgg aaa cca gtt gta tgg atg gtg gtc agc gag ctc atg tct 1376  
 Pro Gly Trp Lys Pro Val Val Trp Met Val Val Ser Glu Leu Met Ser  
 10 395 400 405

15  
 ggt ttc ctg ctg gga tac gta ttt gta ctc agt cac aat gga atg gag 1424  
 Gly Phe Leu Leu Gly Tyr Val Phe Val Leu Ser His Asn Gly Met Glu  
 410 415 420

20  
 gtg tac aat acg tca aag gac ttc gtg aat gcc cag att gca tcg act 1472  
 Val Tyr Asn Thr Ser Lys Asp Phe Val Asn Ala Gln Ile Ala Ser Thr  
 425 430 435

25  
 cgc gac atc aaa gca ggg gtg ttt aat gat tgg ttc acc gga ggt ctc 1520  
 Arg Asp Ile Lys Ala Gly Val Phe Asn Asp Trp Phe Thr Gly Gly Leu  
 30 440 445 450

35  
 aac aga cag att gag cat cat cta ttt cca acg atg ccc agg cac aac 1568  
 Asn Arg Gln Ile Glu His His Leu Phe Pro Thr Met Pro Arg His Asn  
 455 460 465 470

40  
 ctt aat aaa att tct cct cac gtg gag act ttg tgc aag aag cat gga 1616  
 Leu Asn Lys Ile Ser Pro His Val Glu Thr Leu Cys Lys Lys His Gly  
 475 480 485

45  
 ctg gtc tac gaa gac gtg agc atg gct tcg ggc act tac cgg gtt ttg 1664  
 Leu Val Tyr Glu Asp Val Ser Met Ala Ser Gly Thr Tyr Arg Val Leu  
 50 490 495 500

55  
 aaa aca ctt aag gac gtt gcc gat gct gct tca cac cag cag ctt gct 1712  
 Lys Thr Leu Lys Asp Val Ala Asp Ala Ala Ser His Gln Gln Leu Ala  
 505 510 515

60  
 gcg agt tga ggcacgcag cactcgtcga aacatttttg tctgttatag 1761  
 Ala Ser  
 520

65  
 tgttcatatg tgatcgaggg gaaaagggtcc catgctctga tctattcttc tgtagccaat 1821

# DE 102 19 203 A 1

atttttcaat tgaaaggagg ttcttcactt atcttccatc tatcggtgca catcctgcat 1881  
 cagagttagc gttggagtaa tgtaagcac ttgtagatta tgcccacat tgccacattt 1941  
 ctgttcggtt acaatcgttt gattccatgc tatcctccgt gttcatctcg ttgttataag 2001  
 caagcttgaa aaaacatgct acgagattgg cagacgttgt cttggcagct gtagagggtg 2061  
 gttccattca ttgtgtagta cagaactctc tcgtccctgt ttctctacat tacttggttac 2121  
 atagtgactt tcattcacag caaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 2160

<210> 12

<211> 520

<212> PRT

<213> Ceratodon purpureus

<400> 12

Met Val Ser Gln Gly Gly Gly Leu Ser Gln Gly Ser Ile Glu Glu Asn

1 5 10 15

Ile Asp Val Glu His Leu Ala Thr Met Pro Leu Val Ser Asp Phe Leu

20 25 30

Asn Val Leu Gly Thr Thr Leu Gly Gln Trp Ser Leu Ser Thr Thr Phe

35 40 45

Ala Phe Lys Arg Leu Thr Thr Lys Lys His Ser Ser Asp Ile Ser Val

50 55 60

Glu Ala Gln Lys Glu Ser Val Ala Arg Gly Pro Val Glu Asn Ile Ser

65 70 75 80

Gln Ser Val Ala Gln Pro Ile Arg Arg Arg Trp Val Gln Asp Lys Lys

85 90 95

Pro Val Thr Tyr Ser Leu Lys Asp Val Ala Ser His Asp Met Pro Gln

100 105 110

# DE 102 19 203 A 1

Asp Cys Trp Ile Ile Ile Lys Glu Lys Val Tyr Asp Val Ser Thr Phe  
 115 120 125

5

Ala Glu Gln His Pro Gly Gly Thr Val Ile Asn Thr Tyr Phe Gly Arg  
 130 135 140

10

Asp Ala Thr Asp Val Phe Ser Thr Phe His Ala Ser Thr Ser Trp Lys  
 145 150 155 160

15

Ile Leu Gln Asn Phe Tyr Ile Gly Asn Leu Val Arg Glu Glu Pro Thr  
 165 170 175

20

Leu Glu Leu Leu Lys Glu Tyr Arg Glu Leu Arg Ala Leu Phe Leu Arg  
 180 185 190

25

Glu Gln Leu Phe Lys Ser Ser Lys Ser Tyr Tyr Leu Phe Lys Thr Leu  
 195 200 205

30

Ile Asn Val Ser Ile Val Ala Thr Ser Ile Ala Ile Ile Ser Leu Tyr  
 210 215 220

35

Lys Ser Tyr Arg Ala Val Leu Leu Ser Ala Ser Leu Met Gly Leu Phe  
 225 230 235 240

40

Ile Gln Gln Cys Gly Trp Leu Ser His Asp Phe Leu His His Gln Val  
 245 250 255

45

Phe Glu Thr Arg Trp Leu Asn Asp Val Val Gly Tyr Val Val Gly Asn  
 260 265 270

50

Val Val Leu Gly Phe Ser Val Ser Trp Trp Lys Thr Lys His Asn Leu  
 275 280 285

55

His His Ala Ala Pro Asn Glu Cys Asp Gln Lys Tyr Thr Pro Ile Asp  
 290 295 300

60

Glu Asp Ile Asp Thr Leu Pro Ile Ile Ala Trp Ser Lys Asp Leu Leu  
 305 310 315 320

65

# DE 102 19 203 A 1

Ala Thr Val Glu Ser Lys Thr Met Leu Arg Val Leu Gln Tyr Gln His	325	330	335
Leu Phe Phe Leu Val Leu Leu Thr Phe Ala Arg Ala Ser Trp Leu Phe	340	345	350
Trp Ser Ala Ala Phe Thr Leu Arg Pro Glu Leu Thr Leu Gly Glu Lys	355	360	365
Leu Leu Glu Arg Gly Thr Met Ala Leu His Tyr Ile Trp Phe Asn Ser	370	375	380
Val Ala Phe Tyr Leu Leu Pro Gly Trp Lys Pro Val Val Trp Met Val	385	390	395
Val Ser Glu Leu Met Ser Gly Phe Leu Leu Gly Tyr Val Phe Val Leu	405	410	415
Ser His Asn Gly Met Glu Val Tyr Asn Thr Ser Lys Asp Phe Val Asn	420	425	430
Ala Gln Ile Ala Ser Thr Arg Asp Ile Lys Ala Gly Val Phe Asn Asp	435	440	445
Trp Phe Thr Gly Gly Leu Asn Arg Gln Ile Glu His His Leu Phe Pro	450	455	460
Thr Met Pro Arg His Asn Leu Asn Lys Ile Ser Pro His Val Glu Thr	465	470	475
Leu Cys Lys Lys His Gly Leu Val Tyr Glu Asp Val Ser Met Ala Ser	485	490	495
Gly Thr Tyr Arg Val Leu Lys Thr Leu Lys Asp Val Ala Asp Ala Ala	500	505	510
Ser His Gln Gln Leu Ala Ala Ser	515	520	

# DE 102 19 203 A 1

<210> 13  
 <211> 1434  
 5 <212> DNA  
 <213> Phaeodactylum tricornutum

10 <220>  
 <221> CDS  
 <222> (1) .. (1434)  
 15 <223> Delta-6-Desaturase

<400> 13  
 20 atg ggc aaa gga ggg gac gct cgg gcc tcg aag ggc tca acg gcg gct 48  
 Met Gly Lys Gly Gly Asp Ala Arg Ala Ser Lys Gly Ser Thr Ala Ala  
 1 5 10 15  
 25 cgc aag atc agt tgg cag gaa gtc aag acc cac gcg tct ccg gag gac 96  
 Arg Lys Ile Ser Trp Gln Glu Val Lys Thr His Ala Ser Pro Glu Asp  
 20 25 30  
 30 gcc tgg atc att cac tcc aat aag gtc tac gac gtg tcc aac tgg cac 144  
 Ala Trp Ile Ile His Ser Asn Lys Val Tyr Asp Val Ser Asn Trp His  
 35 35 40 45  
 40 gaa cat ccc gga ggc gcc gtc att ttc acg cac gcc ggt gac gac atg 192  
 Glu His Pro Gly Gly Ala Val Ile Phe Thr His Ala Gly Asp Asp Met  
 50 55 60  
 45 acg gac att ttc gct gcc ttt cac gca ccc gga tcg cag tcg ctc atg 240  
 Thr Asp Ile Phe Ala Ala Phe His Ala Pro Gly Ser Gln Ser Leu Met  
 65 70 75 80  
 50 aag aag ttc tac att ggc gaa ttg ctc ccg gaa acc acc ggc aag gag 288  
 Lys Lys Phe Tyr Ile Gly Glu Leu Leu Pro Glu Thr Thr Gly Lys Glu  
 55 85 90 95  
 60 ccg cag caa atc gcc ttt gaa aag ggc tac cgc gat ctg cgc tcc aaa 336  
 Pro Gln Gln Ile Ala Phe Glu Lys Gly Tyr Arg Asp Leu Arg Ser Lys  
 100 105 110  
 65 ctc atc atg atg ggc atg ttc aag tcc aac aag tgg ttc tac gtc tac 384

# DE 102 19 203 A 1

Leu Ile Met Met Gly Met Phe Lys Ser Asn Lys Trp Phe Tyr Val Tyr		
115	120	125
aag tgc ctc agc aac atg gcc att tgg gcc gcc gcc tgt gct ctc gtc	432	5
Lys Cys Leu Ser Asn Met Ala Ile Trp Ala Ala Ala Cys Ala Leu Val		
130	135	140
10		
ttt tac tcg gac cgc ttc tgg gta cac ctg gcc agc gcc gtc atg ctg	480	
Phe Tyr Ser Asp Arg Phe Trp Val His Leu Ala Ser Ala Val Met Leu		15
145	150	155
160		
gga aca ttc ttt cag cag tcg gga tgg ttg gca cac gac ttt ctg cac	528	20
Gly Thr Phe Phe Gln Gln Ser Gly Trp Leu Ala His Asp Phe Leu His		
165	170	175
25		
cac cag gtc ttc acc aag cgc aag cac ggg gat ctc gga gga ctc ttt	576	
His Gln Val Phe Thr Lys Arg Lys His Gly Asp Leu Gly Gly Leu Phe		
180	185	190
30		
tgg ggg aac ctc atg cag ggt tac tcc gta cag tgg tgg aaa aac aag	624	
Trp Gly Asn Leu Met Gln Gly Tyr Ser Val Gln Trp Trp Lys Asn Lys		35
195	200	205
cac aac gga cac cac gcc gtc ccc aac ctc cac tgc tcc tcc gca gtc	672	40
His Asn Gly His His Ala Val Pro Asn Leu His Cys Ser Ser Ala Val		
210	215	220
45		
gcg caa gat ggg gac ccg gac atc gat acc atg ccc ctt ctc gcc tgg	720	
Ala Gln Asp Gly Asp Pro Asp Ile Asp Thr Met Pro Leu Leu Ala Trp		
225	230	235
240		50
tcc gtc cag caa gcc cag tct tac cgg gaa ctc caa gcc gac gga aag	768	
Ser Val Gln Gln Ala Gln Ser Tyr Arg Glu Leu Gln Ala Asp Gly Lys		55
245	250	255
gat tcg ggt ttg gtc aag ttc atg atc cgt aac caa tcc tac ttt tac	816	60
Asp Ser Gly Leu Val Lys Phe Met Ile Arg Asn Gln Ser Tyr Phe Tyr		
260	265	270
ttt ccc atc ttg ttg ctc gcc cgc ctg tcg tgg ttg aac gag tcc ttc	864	65

# DE 102 19 203 A 1

Phe Pro Ile Leu Leu Leu Ala Arg Leu Ser Trp Leu Asn Glu Ser Phe  
 275 280 285

5 aag tgc gcc ttt ggg ctt gga gct gcg tcg gag aac gct gct ctc gaa 912  
 Lys Cys Ala Phe Gly Leu Gly Ala Ala Ser Glu Asn Ala Ala Leu Glu  
 290 295 300

10 ctc aag gcc aag ggt ctt cag tac ccc ctt ttg gaa aag gct ggc atc 960  
 Leu Lys Ala Lys Gly Leu Gln Tyr Pro Leu Leu Glu Lys Ala Gly Ile  
 15 305 310 315 320

20 ctg ctg cac tac gct tgg atg ctt aca gtt tcg tcc ggc ttt gga cgc 1008  
 Leu Leu His Tyr Ala Trp Met Leu Thr Val Ser Ser Gly Phe Gly Arg  
 325 330 335

25 ttc tcg ttc gcg tac acc gca ttt tac ttt cta acc gcg acc gcg tcc 1056  
 Phe Ser Phe Ala Tyr Thr Ala Phe Tyr Phe Leu Thr Ala Thr Ala Ser  
 30 340 345 350

30 tgt gga ttc ttg ctc gcc att gtc ttt ggc ctc ggc cac aac ggc atg 1104  
 Cys Gly Phe Leu Leu Ala Ile Val Phe Gly Leu Gly His Asn Gly Met  
 35 355 360 365

40 gcc acc tac aat gcc gac gcc cgt ccg gac ttc tgg aag ctc caa gtc 1152  
 Ala Thr Tyr Asn Ala Asp Ala Arg Pro Asp Phe Trp Lys Leu Gln Val  
 370 375 380

45 acc acg act cgc aac gtc acg ggc gga cac ggt ttc ccc caa gcc ttt 1200  
 Thr Thr Thr Arg Asn Val Thr Gly Gly His Gly Phe Pro Gln Ala Phe  
 385 390 395 400

50 gtc gac tgg ttc tgt ggt ggc ctc cag tac caa gtc gac cac cac tta 1248  
 Val Asp Trp Phe Cys Gly Gly Leu Gln Tyr Gln Val Asp His His Leu  
 55 405 410 415

60 ttc ccc agc ctg ccc cga cac aat ctg gcc aag aca cac gca ctg gtc 1296  
 Phe Pro Ser Leu Pro Arg His Asn Leu Ala Lys Thr His Ala Leu Val  
 420 425 430

65 gaa tcg ttc tgc aag gag tgg ggt gtc cag tac cac gaa gcc gac ctt 1344



# DE 102 19 203 A 1

Glu Ser Phe Cys Lys Glu Trp Gly Val Gln Tyr His Glu Ala Asp Leu	435	440	445	
gtg gac ggg acc atg gaa gtc ttg cac cat ttg ggc agc gtg gcc ggc				1392
Val Asp Gly Thr Met Glu Val Leu His His Leu Gly Ser Val Ala Gly	450	455	460	10
gaa ttc gtc gtg gat ttt gta cgc gat gga ccc gcc atg taa				1434
Glu Phe Val Val Asp Phe Val Arg Asp Gly Pro Ala Met	465	470	475	15
<210> 14				20
<211> 477				
<212> PRT				25
<213> Phaeodactylum tricornutum				
<400> 14				30
Met Gly Lys Gly Gly Asp Ala Arg Ala Ser Lys Gly Ser Thr Ala Ala	1	5	10	15
Arg Lys Ile Ser Trp Gln Glu Val Lys Thr His Ala Ser Pro Glu Asp	20	25	30	35
Ala Trp Ile Ile His Ser Asn Lys Val Tyr Asp Val Ser Asn Trp His	35	40	45	40
Glu His Pro Gly Gly Ala Val Ile Phe Thr His Ala Gly Asp Asp Met	50	55	60	45
Thr Asp Ile Phe Ala Ala Phe His Ala Pro Gly Ser Gln Ser Leu Met	65	70	75	50
Lys Lys Phe Tyr Ile Gly Glu Leu Leu Pro Glu Thr Thr Gly Lys Glu	85	90	95	55
Pro Gln Gln Ile Ala Phe Glu Lys Gly Tyr Arg Asp Leu Arg Ser Lys	100	105	110	60
Leu Ile Met Met Gly Met Phe Lys Ser Asn Lys Trp Phe Tyr Val Tyr				65

# DE 102 19 203 A 1

	115	120	125
5	Lys Cys Leu Ser Asn Met Ala Ile Trp Ala Ala Ala Cys Ala Leu Val		
	130	135	140
10	Phe Tyr Ser Asp Arg Phe Trp Val His Leu Ala Ser Ala Val Met Leu		
	145	150	155 160
15	Gly Thr Phe Phe Gln Gln Ser Gly Trp Leu Ala His Asp Phe Leu His		
	165	170	175
20	His Gln Val Phe Thr Lys Arg Lys His Gly Asp Leu Gly Gly Leu Phe		
	180	185	190
25	Trp Gly Asn Leu Met Gln Gly Tyr Ser Val Gln Trp Trp Lys Asn Lys		
	195	200	205
30	His Asn Gly His His Ala Val Pro Asn Leu His Cys Ser Ser Ala Val		
	210	215	220
35	Ala Gln Asp Gly Asp Pro Asp Ile Asp Thr Met Pro Leu Leu Ala Trp		
	225	230	235 240
40	Ser Val Gln Gln Ala Gln Ser Tyr Arg Glu Leu Gln Ala Asp Gly Lys		
	245	250	255
45	Asp Ser Gly Leu Val Lys Phe Met Ile Arg Asn Gln Ser Tyr Phe Tyr		
	260	265	270
50	Phe Pro Ile Leu Leu Leu Ala Arg Leu Ser Trp Leu Asn Glu Ser Phe		
	275	280	285
55	Lys Cys Ala Phe Gly Leu Gly Ala Ala Ser Glu Asn Ala Ala Leu Glu		
	290	295	300
60	Leu Lys Ala Lys Gly Leu Gln Tyr Pro Leu Leu Glu Lys Ala Gly Ile		
	305	310	315 320
65	Leu Leu His Tyr Ala Trp Met Leu Thr Val Ser Ser Gly Phe Gly Arg		
	325	330	335

# DE 102 19 203 A 1

atg gtg tcc cag ggc ggc ggt ctc tcg cag ggt tcc att gaa gaa aac	48	
Met Val Ser Gln Gly Gly Gly Leu Ser Gln Gly Ser Ile Glu Glu Asn		
1 5 10 15 5		
att gac gtt gag cac ttg gca acg atg ccc ctc gtc agt gac ttc cta	96	
Ile Asp Val Glu His Leu Ala Thr Met Pro Leu Val Ser Asp Phe Leu		10
20 25 30		
aat gtc ctg gga acg act ttg ggc cag tgg agt ctt tcc act aca ttc	144	15
Asn Val Leu Gly Thr Thr Leu Gly Gln Trp Ser Leu Ser Thr Thr Phe		
35 40 45		
gct ttc aag agg ctc acg act aag aaa cac agt tcg gac atc tcg gtg	192	20
Ala Phe Lys Arg Leu Thr Thr Lys Lys His Ser Ser Asp Ile Ser Val		
50 55 60 25		
gag gca caa aaa gaa tcg gtt gcg cgg ggg cca gtt gag aat att tct	240	
Glu Ala Gln Lys Glu Ser Val Ala Arg Gly Pro Val Glu Asn Ile Ser		30
65 70 75 80		
caa tcg gtt gcg cag ccc atc agg cgg agg tgg gtg cag gat aaa aag	288	35
Gln Ser Val Ala Gln Pro Ile Arg Arg Arg Trp Val Gln Asp Lys Lys		
85 90 95		
ccg gtt act tac agc ctg aag gat gta gct tcg cac gat atg ccc cag	336	40
Pro Val Thr Tyr Ser Leu Lys Asp Val Ala Ser His Asp Met Pro Gln		
100 105 110 45		
gac tgc tgg att ata atc aaa gag aag gtg tat gat gtg agc acc ttc	384	
Asp Cys Trp Ile Ile Ile Lys Glu Lys Val Tyr Asp Val Ser Thr Phe		50
115 120 125		
gct gag cag cac cct gga ggc acg gtt atc aac acc tac ttc gga cga	432	55
Ala Glu Gln His Pro Gly Gly Thr Val Ile Asn Thr Tyr Phe Gly Arg		
130 135 140		
gac gcc aca gat gtt ttc tct act ttc cac gca tcc acc tca tgg aag	480	60
Asp Ala Thr Asp Val Phe Ser Thr Phe His Ala Ser Thr Ser Trp Lys		
145 150 155 160 65		

# DE 102 19 203 A 1

	att ctt cag aat ttc tac atc ggg aac ctt gtt agg gag gag ccg act	528
	Ile Leu Gln Asn Phe Tyr Ile Gly Asn Leu Val Arg Glu Glu Pro Thr	
5	165 170 175	
	ttg gag ctg ctg aag gag tac aga gag ttg aga gcc ctt ttc ttg aga	576
10	Leu Glu Leu Leu Lys Glu Tyr Arg Glu Leu Arg Ala Leu Phe Leu Arg	
	180 185 190	
	gaa cag ctt ttc aag agt tcc aaa tcc tac tac ctt ttc aag act ctc	624
15	Glu Gln Leu Phe Lys Ser Ser Lys Ser Tyr Tyr Leu Phe Lys Thr Leu	
	195 200 205	
20	ata aat gtt tcc att gtt gcc aca agc att gcg ata atc agt ctg tac	672
	Ile Asn Val Ser Ile Val Ala Thr Ser Ile Ala Ile Ile Ser Leu Tyr	
25	210 215 220	
	aag tct tac cgg gcg gtt ctg tta tca gcc agt ttg atg ggc ttg ttt	720
30	Lys Ser Tyr Arg Ala Val Leu Leu Ser Ala Ser Leu Met Gly Leu Phe	
	225 230 235 240	
	att caa cag tgc gga tgg ttg tct cac gat ttt cta cac cat cag gta	768
35	Ile Gln Gln Cys Gly Trp Leu Ser His Asp Phe Leu His His Gln Val	
	245 250 255	
40	ttt gag aca cgc tgg ctc aat gac gtt gtt ggc tat gtg gtc ggc aac	816
	Phe Glu Thr Arg Trp Leu Asn Asp Val Val Gly Tyr Val Val Gly Asn	
45	260 265 270	
	gtt gtt ctg gga ttc agt gtc tcg tgg tgg aag acc aag cac aac ctg	864
50	Val Val Leu Gly Phe Ser Val Ser Trp Trp Lys Thr Lys His Asn Leu	
	275 280 285	
	cat cat gct gct ccg aat gaa tgc gac caa aag tac aca ccg att gat	912
55	His His Ala Ala Pro Asn Glu Cys Asp Gln Lys Tyr Thr Pro Ile Asp	
	290 295 300	
60	gag gat att gat act ctc ccc atc att gct tgg agt aaa gat ctc ttg	960
	Glu Asp Ile Asp Thr Leu Pro Ile Ile Ala Trp Ser Lys Asp Leu Leu	
65	305 310 315 320	

# DE 102 19 203 A 1

gcc act gtt gag agc aag acc atg ttg cga gtt ctt cag tac cag cac	1008	
Ala Thr Val Glu Ser Lys Thr Met Leu Arg Val Leu Gln Tyr Gln His		
325 330 335		5
cta ttc ttt ttg gtt ctt ttg acg ttt gcc cgg gcg agt tgg cta ttt	1056	
Leu Phe Phe Leu Val Leu Leu Thr Phe Ala Arg Ala Ser Trp Leu Phe		10
340 345 350		
tgg agc gcg gcc ttc act ctc agg ccc gag ttg acc ctt ggc gag aag	1104	15
Trp Ser Ala Ala Phe Thr Leu Arg Pro Glu Leu Thr Leu Gly Glu Lys		
355 360 365		
ctt ttg gag agg gga acg atg gct ttg cac tac att tgg ttt aat agt	1152	20
Leu Leu Glu Arg Gly Thr Met Ala Leu His Tyr Ile Trp Phe Asn Ser		
370 375 380		25
gtt gcg ttt tat ctg ctc ccc gga tgg aaa cca gtt gta tgg atg gtg	1200	
Val Ala Phe Tyr Leu Leu Pro Gly Trp Lys Pro Val Val Trp Met Val		30
385 390 395 400		
gtc agc gag ctc atg tct ggt ttc ctg ctg gga tac gta ttt gta ctc	1248	35
Val Ser Glu Leu Met Ser Gly Phe Leu Leu Gly Tyr Val Phe Val Leu		
405 410 415		
agt cac aat gga atg gag gtg tac aat acg tca aag gac ttc gtg aat	1296	40
Ser His Asn Gly Met Glu Val Tyr Asn Thr Ser Lys Asp Phe Val Asn		
420 425 430		45
gcc cag att gca tcg act cgc gac atc aaa gca ggg gtg ttt aat gat	1344	
Ala Gln Ile Ala Ser Thr Arg Asp Ile Lys Ala Gly Val Phe Asn Asp		50
435 440 445		
tgg ttc acc gga ggt ctc aac aga cag att gag cat cat cta ttt cca	1392	55
Trp Phe Thr Gly Gly Leu Asn Arg Gln Ile Glu His His Leu Phe Pro		
450 455 460		
acg atg ccc agg cac aac ctt aat aaa att tct cct cac gtg gag act	1440	60
Thr Met Pro Arg His Asn Leu Asn Lys Ile Ser Pro His Val Glu Thr		
465 470 475 480		65

DE 102 19 203 A 1

	ttg tgc aag aag cat gga ctg gtc tac gaa gac gtg agc atg gct tcg	1488
	Leu Cys Lys Lys His Gly Leu Val Tyr Glu Asp Val Ser Met Ala Ser	
5	485 490 495	
	ggc act tac cgg gtt ttg aaa aca ctt aag gac gtt gcc gat gct gct	1536
10	Gly Thr Tyr Arg Val Leu Lys Thr Leu Lys Asp Val Ala Asp Ala Ala	
	500 505 510	
15	tca cac cag cag ctt gct gcg agt tga	1563
	Ser His Gln Gln Leu Ala Ala Ser	
	515 520	
20		
	<210> 16	
25	<211> 520	
	<212> PRT	
	<213> Ceratodon purpureus	
30		
	<400> 16	
	Met Val Ser Gln Gly Gly Gly Leu Ser Gln Gly Ser Ile Glu Glu Asn	
35	1 5 10 15	
	Ile Asp Val Glu His Leu Ala Thr Met Pro Leu Val Ser Asp Phe Leu	
40	20 25 30	
	Asn Val Leu Gly Thr Thr Leu Gly Gln Trp Ser Leu Ser Thr Thr Phe	
45	35 40 45	
	Ala Phe Lys Arg Leu Thr Thr Lys Lys His Ser Ser Asp Ile Ser Val	
50	50 55 60	
	Glu Ala Gln Lys Glu Ser Val Ala Arg Gly Pro Val Glu Asn Ile Ser	
55	65 70 75 80	
	Gln Ser Val Ala Gln Pro Ile Arg Arg Arg Trp Val Gln Asp Lys Lys	
60	85 90 95	
	Pro Val Thr Tyr Ser Leu Lys Asp Val Ala Ser His Asp Met Pro Gln	
65	100 105 110	

# DE 102 19 203 A 1

Asp Cys Trp Ile Ile Ile Lys Glu Lys Val Tyr Asp Val Ser Thr Phe	
115 120 125	
Ala Glu Gln His Pro Gly Gly Thr Val Ile Asn Thr Tyr Phe Gly Arg	5
130 135 140	
Asp Ala Thr Asp Val Phe Ser Thr Phe His Ala Ser Thr Ser Trp Lys	10
145 150 155 160	
Ile Leu Gln Asn Phe Tyr Ile Gly Asn Leu Val Arg Glu Glu Pro Thr	15
165 170 175	
Leu Glu Leu Leu Lys Glu Tyr Arg Glu Leu Arg Ala Leu Phe Leu Arg	20
180 185 190	
Glu Gln Leu Phe Lys Ser Ser Lys Ser Tyr Tyr Leu Phe Lys Thr Leu	25
195 200 205	
Ile Asn Val Ser Ile Val Ala Thr Ser Ile Ala Ile Ile Ser Leu Tyr	30
210 215 220	
Lys Ser Tyr Arg Ala Val Leu Leu Ser Ala Ser Leu Met Gly Leu Phe	35
225 230 235 240	
Ile Gln Gln Cys Gly Trp Leu Ser His Asp Phe Leu His His Gln Val	40
245 250 255	
Phe Glu Thr Arg Trp Leu Asn Asp Val Val Gly Tyr Val Val Gly Asn	45
260 265 270	
Val Val Leu Gly Phe Ser Val Ser Trp Trp Lys Thr Lys His Asn Leu	50
275 280 285	
His His Ala Ala Pro Asn Glu Cys Asp Gln Lys Tyr Thr Pro Ile Asp	55
290 295 300	
Glu Asp Ile Asp Thr Leu Pro Ile Ile Ala Trp Ser Lys Asp Leu Leu	60
305 310 315 320	
Ala Thr Val Glu Ser Lys Thr Met Leu Arg Val Leu Gln Tyr Gln His	65

# DE 102 19 203 A 1

	325	330	335
5	Leu Phe Phe Leu Val Leu Leu Thr Phe Ala Arg Ala Ser Trp Leu Phe		
	340	345	350
10	Trp Ser Ala Ala Phe Thr Leu Arg Pro Glu Leu Thr Leu Gly Glu Lys		
	355	360	365
15	Leu Leu Glu Arg Gly Thr Met Ala Leu His Tyr Ile Trp Phe Asn Ser		
	370	375	380
20	Val Ala Phe Tyr Leu Leu Pro Gly Trp Lys Pro Val Val Trp Met Val		
	385	390	395 400
25	Val Ser Glu Leu Met Ser Gly Phe Leu Leu Gly Tyr Val Phe Val Leu		
	405	410	415
30	Ser His Asn Gly Met Glu Val Tyr Asn Thr Ser Lys Asp Phe Val Asn		
	420	425	430
35	Ala Gln Ile Ala Ser Thr Arg Asp Ile Lys Ala Gly Val Phe Asn Asp		
	435	440	445
40	Trp Phe Thr Gly Gly Leu Asn Arg Gln Ile Glu His His Leu Phe Pro		
	450	455	460
45	Thr Met Pro Arg His Asn Leu Asn Lys Ile Ser Pro His Val Glu Thr		
	465	470	475 480
50	Leu Cys Lys Lys His Gly Leu Val Tyr Glu Asp Val Ser Met Ala Ser		
	485	490	495
55	Gly Thr Tyr Arg Val Leu Lys Thr Leu Lys Asp Val Ala Asp Ala Ala		
	500	505	510
60	Ser His Gln Gln Leu Ala Ala Ser		
	515	520	
65	<210> 17		



# DE 102 19 203 A 1

<211> 1578

<212> DNA

<213> *Physcomitrella patens*

5

<220>

<221> CDS

10

<222> (1)..(1578)

<223> Delta-6-Desaturase

15

<400> 17

atg gta ttc gcg ggc ggt gga ctt cag cag ggc tct ctc gaa gaa aac 48

Met Val Phe Ala Gly Gly Gly Leu Gln Gln Gly Ser Leu Glu Glu Asn

20

1

5

10

15

atc gac gtc gag cac att gcc agt atg tct ctc ttc agc gac ttc ttc 96

Ile Asp Val Glu His Ile Ala Ser Met Ser Leu Phe Ser Asp Phe Phe

25

20

25

30

agt tat gtg tct tca act gtt ggt tcg tgg agc gta cac agt ata caa 144

Ser Tyr Val Ser Ser Thr Val Gly Ser Trp Ser Val His Ser Ile Gln

30

35

40

45

35

cct ttg aag cgc ctg acg agt aag aag cgt gtt tcg gaa agc gct gcc 192

Pro Leu Lys Arg Leu Thr Ser Lys Lys Arg Val Ser Glu Ser Ala Ala

40

50

55

60

gtg caa tgt ata tca gct gaa gtt cag aga aat tcg agt acc cag gga 240

Val Gln Cys Ile Ser Ala Glu Val Gln Arg Asn Ser Ser Thr Gln Gly

45

65

70

75

80

act gcg gag gca ctc gca gaa tca gtc gtg aag ccc acg aga cga agg 288

Thr Ala Glu Ala Leu Ala Glu Ser Val Val Lys Pro Thr Arg Arg Arg

50

85

90

95

55

tca tct cag tgg aag aag tcg aca cac ccc cta tca gaa gta gca gta 336

Ser Ser Gln Trp Lys Lys Ser Thr His Pro Leu Ser Glu Val Ala Val

60

100

105

110

cac aac aag cca agc gat tgc tgg att gtt gta aaa aac aag gtg tat 384

His Asn Lys Pro Ser Asp Cys Trp Ile Val Val Lys Asn Lys Val Tyr

65

# DE 102 19 203 A 1

115 120 125  
 5 gat gtt tcc aat ttt gcg gac gag cat ccc gga gga tca gtt att agt 432  
 Asp Val Ser Asn Phe Ala Asp Glu His Pro Gly Gly Ser Val Ile Ser  
 130 135 140  
 10 act tat ttt gga cga gac ggc aca gat gtt ttc tct agt ttt cat gca 480  
 Thr Tyr Phe Gly Arg Asp Gly Thr Asp Val Phe Ser Ser Phe His Ala  
 15 145 150 155 160  
 20 gct tct aca tgg aaa att ctt caa gac ttt tac att ggt gac gtg gag 528  
 Ala Ser Thr Trp Lys Ile Leu Gln Asp Phe Tyr Ile Gly Asp Val Glu  
 165 170 175  
 25 agg gtg gag ccg act cca gag ctg ctg aaa gat ttc cga gaa atg aga 576  
 Arg Val Glu Pro Thr Pro Glu Leu Leu Lys Asp Phe Arg Glu Met Arg  
 180 185 190  
 30 gct ctt ttc ctg agg gag caa ctt ttc aaa agt tcg aaa ttg tac tat 624  
 Ala Leu Phe Leu Arg Glu Gln Leu Phe Lys Ser Ser Lys Leu Tyr Tyr  
 35 195 200 205  
 40 gtt atg aag ctg ctc acg aat gtt gct att ttt gct gcg agc att gca 672  
 Val Met Lys Leu Leu Thr Asn Val Ala Ile Phe Ala Ala Ser Ile Ala  
 210 215 220  
 45 ata ata tgt tgg agc aag act att tca gcg gtt ttg gct tca gct tgt 720  
 Ile Ile Cys Trp Ser Lys Thr Ile Ser Ala Val Leu Ala Ser Ala Cys  
 225 230 235 240  
 50 atg atg gct ctg tgt ttc caa cag tgc gga tgg cta tcc cat gat ttt 768  
 Met Met Ala Leu Cys Phe Gln Gln Cys Gly Trp Leu Ser His Asp Phe  
 245 250 255  
 55 ctc cac aat cag gtg ttt gag aca cgc tgg ctt aat gaa gtt gtc ggg 816  
 Leu His Asn Gln Val Phe Glu Thr Arg Trp Leu Asn Glu Val Val Gly  
 60 260 265 270  
 65 tat gtg atc ggc aac gcc gtt ctg ggg ttt agt aca ggg tgg tgg aag 864  
 Tyr Val Ile Gly Asn Ala Val Leu Gly Phe Ser Thr Gly Trp Trp Lys

# DE 102 19 203 A 1

275	280	285		
gag aag cat aac ctt cat cat gct gct cca aat gaa tgc gat cag act			912	5
Glu Lys His Asn Leu His His Ala Ala Pro Asn Glu Cys Asp Gln Thr				
290	295	300		
tac caa cca att gat gaa gat att gat act ctc ccc ctc att gcc tgg			960	10
Tyr Gln Pro Ile Asp Glu Asp Ile Asp Thr Leu Pro Leu Ile Ala Trp				
305	310	315	320	15
agc aag gac ata ctg gcc aca gtt gag aat aag aca ttc ttg cga atc			1008	
Ser Lys Asp Ile Leu Ala Thr Val Glu Asn Lys Thr Phe Leu Arg Ile				20
325	330	335		
ctc caa tac cag cat ctg ttc ttc atg ggt ctg tta ttt ttc gcc cgt			1056	25
Leu Gln Tyr Gln His Leu Phe Phe Met Gly Leu Leu Phe Phe Ala Arg				
340	345	350		
ggt agt tgg ctc ttt tgg agc tgg aga tat acc tct aca gca gtg ctc			1104	30
Gly Ser Trp Leu Phe Trp Ser Trp Arg Tyr Thr Ser Thr Ala Val Leu				
355	360	365		35
tca cct gtc gac agg ttg ttg gag aag gga act gtt ctg ttt cac tac			1152	
Ser Pro Val Asp Arg Leu Leu Glu Lys Gly Thr Val Leu Phe His Tyr				40
370	375	380		
ttt tgg ttc gtc ggg aca gcg tgc tat ctt ctc cct ggt tgg aag cca			1200	45
Phe Trp Phe Val Gly Thr Ala Cys Tyr Leu Leu Pro Gly Trp Lys Pro				
385	390	395	400	
tta gta tgg atg gcg gtg act gag ctc atg tcc ggc atg ctg ctg ggc			1248	50
Leu Val Trp Met Ala Val Thr Glu Leu Met Ser Gly Met Leu Leu Gly				
405	410	415		55
ttt gta ttt gta ctt agc cac aat ggg atg gag gtt tat aat tgc tct			1296	
Phe Val Phe Val Leu Ser His Asn Gly Met Glu Val Tyr Asn Ser Ser				60
420	425	430		
aaa gaa ttc gtg agt gca cag atc gta tcc aca cgg gat atc aaa gga			1344	65
Lys Glu Phe Val Ser Ala Gln Ile Val Ser Thr Arg Asp Ile Lys Gly				

# DE 102 19 203 A 1

	435	440	445	
5	aac ata ttc aac gac tgg ttc act ggt ggc ctt aac agg caa ata gag			1392
	Asn Ile Phe Asn Asp Trp Phe Thr Gly Gly Leu Asn Arg Gln Ile Glu			
	450	455	460	
10	cat cat ctt ttc cca aca atg ccc agg cat aat tta aac aaa ata gca			1440
	His His Leu Phe Pro Thr Met Pro Arg His Asn Leu Asn Lys Ile Ala			
15	465	470	475	480
	cct aga gtg gag gtg ttc tgt aag aaa cac ggt ctg gtg tac gaa gac			1488
20	Pro Arg Val Glu Val Phe Cys Lys Lys His Gly Leu Val Tyr Glu Asp			
	485	490	495	
25	gta tct att gct acc ggc act tgc aag gtt ttg aaa gca ttg aag gaa			1536
	Val Ser Ile Ala Thr Gly Thr Cys Lys Val Leu Lys Ala Leu Lys Glu			
	500	505	510	
30	gtc gcg gag gct gcg gca gag cag cat gct acc acc agt taa			1578
	Val Ala Glu Ala Ala Ala Glu Gln His Ala Thr Thr Ser			
35	515	520	525	
40	<210> 18			
	<211> 525			
	<212> PRT			
45	<213> Physcomitrella patens			
	<400> 18			
50	Met Val Phe Ala Gly Gly Gly Leu Gln Gln Gly Ser Leu Glu Glu Asn			
	1	5	10	15
55	Ile Asp Val Glu His Ile Ala Ser Met Ser Leu Phe Ser Asp Phe Phe			
	20	25	30	
60	Ser Tyr Val Ser Ser Thr Val Gly Ser Trp Ser Val His Ser Ile Gln			
	35	40	45	
65	Pro Leu Lys Arg Leu Thr Ser Lys Lys Arg Val Ser Glu Ser Ala Ala			
	50	55	60	

# DE 102 19 203 A 1

Val Gln Cys Ile Ser Ala Glu Val Gln Arg Asn Ser Ser Thr Gln Gly  
65 70 75 80

Thr Ala Glu Ala Leu Ala Glu Ser Val Val Lys Pro Thr Arg Arg Arg  
85 90 95

Ser Ser Gln Trp Lys Lys Ser Thr His Pro Leu Ser Glu Val Ala Val  
100 105 110

His Asn Lys Pro Ser Asp Cys Trp Ile Val Val Lys Asn Lys Val Tyr  
115 120 125

Asp Val Ser Asn Phe Ala Asp Glu His Pro Gly Gly Ser Val Ile Ser  
130 135 140

Thr Tyr Phe Gly Arg Asp Gly Thr Asp Val Phe Ser Ser Phe His Ala  
145 150 155 160

Ala Ser Thr Trp Lys Ile Leu Gln Asp Phe Tyr Ile Gly Asp Val Glu  
165 170 175

Arg Val Glu Pro Thr Pro Glu Leu Leu Lys Asp Phe Arg Glu Met Arg  
180 185 190

Ala Leu Phe Leu Arg Glu Gln Leu Phe Lys Ser Ser Lys Leu Tyr Tyr  
195 200 205

Val Met Lys Leu Leu Thr Asn Val Ala Ile Phe Ala Ala Ser Ile Ala  
210 215 220

Ile Ile Cys Trp Ser Lys Thr Ile Ser Ala Val Leu Ala Ser Ala Cys  
225 230 235 240

Met Met Ala Leu Cys Phe Gln Gln Cys Gly Trp Leu Ser His Asp Phe  
245 250 255

Leu His Asn Gln Val Phe Glu Thr Arg Trp Leu Asn Glu Val Val Gly  
260 265 270

# DE 102 19 203 A 1

Tyr Val Ile Gly Asn Ala Val Leu Gly Phe Ser Thr Gly Trp Trp Lys  
 275 280 285  
 5  
 Glu Lys His Asn Leu His His Ala Ala Pro Asn Glu Cys Asp Gln Thr  
 290 295 300  
 10  
 Tyr Gln Pro Ile Asp Glu Asp Ile Asp Thr Leu Pro Leu Ile Ala Trp  
 305 310 315 320  
 15  
 Ser Lys Asp Ile Leu Ala Thr Val Glu Asn Lys Thr Phe Leu Arg Ile  
 325 330 335  
 20  
 Leu Gln Tyr Gln His Leu Phe Phe Met Gly Leu Leu Phe Phe Ala Arg  
 340 345 350  
 25  
 Gly Ser Trp Leu Phe Trp Ser Trp Arg Tyr Thr Ser Thr Ala Val Leu  
 355 360 365  
 30  
 Ser Pro Val Asp Arg Leu Leu Glu Lys Gly Thr Val Leu Phe His Tyr  
 370 375 380  
 35  
 Phe Trp Phe Val Gly Thr Ala Cys Tyr Leu Leu Pro Gly Trp Lys Pro  
 385 390 395 400  
 40  
 Leu Val Trp Met Ala Val Thr Glu Leu Met Ser Gly Met Leu Leu Gly  
 405 410 415  
 45  
 Phe Val Phe Val Leu Ser His Asn Gly Met Glu Val Tyr Asn Ser Ser  
 420 425 430  
 50  
 Lys Glu Phe Val Ser Ala Gln Ile Val Ser Thr Arg Asp Ile Lys Gly  
 435 440 445  
 55  
 Asn Ile Phe Asn Asp Trp Phe Thr Gly Gly Leu Asn Arg Gln Ile Glu  
 450 455 460  
 60  
 His His Leu Phe Pro Thr Met Pro Arg His Asn Leu Asn Lys Ile Ala  
 465 470 475 480  
 65  
 Pro Arg Val Glu Val Phe Cys Lys Lys His Gly Leu Val Tyr Glu Asp

# DE 102 19 203 A 1

	485	490	495	
Val Ser Ile Ala Thr Gly Thr Cys Lys Val Leu Lys Ala Leu Lys Glu				5
500	505	510		
Val Ala Glu Ala Ala Ala Glu Gln His Ala Thr Thr Ser				10
515	520	525		
<210> 19				15
<211> 837				
<212> DNA				20
<213> Phytophthora infestans				
<220>				25
<221> CDS				
<222> (1)..(837)				
<223> Delta-6-Elongase				30
<400> 19				
atg tcg act gag cta ctg cag agc tac tac gcg tgg gcc aac gcc acg			48	35
Met Ser Thr Glu Leu Leu Gln Ser Tyr Tyr Ala Trp Ala Asn Ala Thr				
1 5 10 15				
gag gcc aag ctg ctg gac tgg gtc gac cct gag ggc ggc tgg aag gtg			96	40
Glu Ala Lys Leu Leu Asp Trp Val Asp Pro Glu Gly Gly Trp Lys Val				
20 25 30				45
cat cct atg gca gac tac ccc cta gcc aac ttc tcc agc gtc tac gcc			144	
His Pro Met Ala Asp Tyr Pro Leu Ala Asn Phe Ser Ser Val Tyr Ala				50
35 40 45				
atc tgc gtc gga tac ttg ctc ttc gta atc ttc ggc acg gcc ctg atg			192	55
Ile Cys Val Gly Tyr Leu Leu Phe Val Ile Phe Gly Thr Ala Leu Met				
50 55 60				
aaa atg gga gtc ccc gcc atc aag acc agt cca tta cag ttt gtg tac			240	60
Lys Met Gly Val Pro Ala Ile Lys Thr Ser Pro Leu Gln Phe Val Tyr				
65 70 75 80				65

# DE 102 19 203 A 1

	aac ccc atc caa gtc att gcc tgc tct tat atg tgc gtg gag gcc gcc	288
	Asn Pro Ile Gln Val Ile Ala Cys Ser Tyr Met Cys Val Glu Ala Ala	
5	85 90 95	
	atc cag gcc tac cgc aac ggc tac acc gcc gcc ccg tgc aac gcc ttt	336
10	Ile Gln Ala Tyr Arg Asn Gly Tyr Thr Ala Ala Pro Cys Asn Ala Phe	
	100 105 110	
	aag tcc gac gac ccc gtc atg ggc aac gtt ctg tac ctc ttc tat ctc	384
15	Lys Ser Asp Asp Pro Val Met Gly Asn Val Leu Tyr Leu Phe Tyr Leu	
	115 120 125	
	tcc aag atg ctc gac ctg tgc gac aca gtc ttc att atc cta gga aag	432
20	Ser Lys Met Leu Asp Leu Cys Asp Thr Val Phe Ile Ile Leu Gly Lys	
25	130 135 140	
	aag tgg aaa cag ctt tcc atc ttg cac gtg tac cac cac ctt acc gtg	480
30	Lys Trp Lys Gln Leu Ser Ile Leu His Val Tyr His His Leu Thr Val	
	145 150 155 160	
	ctt ttc gtc tac tat gtg acg ttc cgc gcc gct cag gac ggg gac tca	528
35	Leu Phe Val Tyr Tyr Val Thr Phe Arg Ala Ala Gln Asp Gly Asp Ser	
	165 170 175	
	tat gct acc atc gtg ctc aac ggc ttc gtg cac acc atc atg tac act	576
40	Tyr Ala Thr Ile Val Leu Asn Gly Phe Val His Thr Ile Met Tyr Thr	
45	180 185 190	
	tac tac ttc gtc agc gcc cac acg cgc aac att tgg tgg aag aag tac	624
50	Tyr Tyr Phe Val Ser Ala His Thr Arg Asn Ile Trp Trp Lys Lys Tyr	
	195 200 205	
	ctc acg cgc att cag ctt atc cag ttc gtg acc atg aac gtg cag ggc	672
55	Leu Thr Arg Ile Gln Leu Ile Gln Phe Val Thr Met Asn Val Gln Gly	
	210 215 220	
	tac ctg acc tac tct cga cag tgc cca ggc atg cct cct aag gtg ccg	720
60	Tyr Leu Thr Tyr Ser Arg Gln Cys Pro Gly Met Pro Pro Lys Val Pro	
65	225 230 235 240	



# DE 102 19 203 A 1

ctc atg tac ctt gtg tac gtg cag tca ctc ttc tgg ctc ttc atg aat	768	
Leu Met Tyr Leu Val Tyr Val Gln Ser Leu Phe Trp Leu Phe Met Asn		
245 250 255		5
ttc tac att cgc gcg tac gtg ttc ggc ccc aag aaa ccg gcc gtg gag	816	
Phe Tyr Ile Arg Ala Tyr Val Phe Gly Pro Lys Lys Pro Ala Val Glu		10
260 265 270		
gaa tcg aag aag aag ttg taa	837	15
Glu Ser Lys Lys Lys Leu		
275		
		20
<210> 20		
<211> 278		25
<212> PRT		
<213> Phytophthora infestans		
		30
<400> 20		
Met Ser Thr Glu Leu Leu Gln Ser Tyr Tyr Ala Trp Ala Asn Ala Thr		
1 5 10 15		35
Glu Ala Lys Leu Leu Asp Trp Val Asp Pro Glu Gly Gly Trp Lys Val		
20 25 30		40
His Pro Met Ala Asp Tyr Pro Leu Ala Asn Phe Ser Ser Val Tyr Ala		
35 40 45		45
Ile Cys Val Gly Tyr Leu Leu Phe Val Ile Phe Gly Thr Ala Leu Met		
50 55 60		50
Lys Met Gly Val Pro Ala Ile Lys Thr Ser Pro Leu Gln Phe Val Tyr		
65 70 75 80		55
Asn Pro Ile Gln Val Ile Ala Cys Ser Tyr Met Cys Val Glu Ala Ala		
85 90 95		60
Ile Gln Ala Tyr Arg Asn Gly Tyr Thr Ala Ala Pro Cys Asn Ala Phe		
100 105 110		65

# DE 102 19 203 A 1

Lys Ser Asp Asp Pro Val Met Gly Asn Val Leu Tyr Leu Phe Tyr Leu  
 115 120 125

5 Ser Lys Met Leu Asp Leu Cys Asp Thr Val Phe Ile Ile Leu Gly Lys  
 130 135 140

10 Lys Trp Lys Gln Leu Ser Ile Leu His Val Tyr His His Leu Thr Val  
 145 150 155 160

15 Leu Phe Val Tyr Tyr Val Thr Phe Arg Ala Ala Gln Asp Gly Asp Ser  
 165 170 175

20 Tyr Ala Thr Ile Val Leu Asn Gly Phe Val His Thr Ile Met Tyr Thr  
 180 185 190

25 Tyr Tyr Phe Val Ser Ala His Thr Arg Asn Ile Trp Trp Lys Lys Tyr  
 195 200 205

30 Leu Thr Arg Ile Gln Leu Ile Gln Phe Val Thr Met Asn Val Gln Gly  
 210 215 220

35 Tyr Leu Thr Tyr Ser Arg Gln Cys Pro Gly Met Pro Pro Lys Val Pro  
 225 230 235 240

40 Leu Met Tyr Leu Val Tyr Val Gln Ser Leu Phe Trp Leu Phe Met Asn  
 245 250 255

45 Phe Tyr Ile Arg Ala Tyr Val Phe Gly Pro Lys Lys Pro Ala Val Glu  
 260 265 270

50 Glu Ser Lys Lys Lys Leu  
 275

55 <210> 21  
 <211> 1410

60 <212> DNA  
 <213> Phaeodactylum tricornutum

65 <220>

# DE 102 19 203 A 1

<221> CDS

<222> (1)..(1410)

<223> Delta-5-Desaturase

5

<400> 21

atg gct ccg gat gcg gat aag ctt cga caa cgc cag acg act gcg gta 48 10

Met Ala Pro Asp Ala Asp Lys Leu Arg Gln Arg Gln Thr Thr Ala Val

1 5 10 15

15

gcg aag cac aat gct gct acc ata tcg acg cag gaa cgc ctt tgc agt 96

Ala Lys His Asn Ala Ala Thr Ile Ser Thr Gln Glu Arg Leu Cys Ser

20 25 30

20

ctg tct tcg ctc aaa ggc gaa gaa gtc tgc atc gac gga atc atc tat 144

Leu Ser Ser Leu Lys Gly Glu Glu Val Cys Ile Asp Gly Ile Ile Tyr

35 40 45

25

gac ctc caa tca ttc gat cat ccc ggg ggt gaa acg atc aaa atg ttt 192

Asp Leu Gln Ser Phe Asp His Pro Gly Gly Glu Thr Ile Lys Met Phe

50 55 60

30

35

ggg ggc aac gat gtc act gta cag tac aag atg att cac ccg tac cat 240

Gly Gly Asn Asp Val Thr Val Gln Tyr Lys Met Ile His Pro Tyr His

65 70 75 80

40

acc gag aag cat ttg gaa aag atg aag cgt gtc ggc aag gtg acg gat 288

Thr Glu Lys His Leu Glu Lys Met Lys Arg Val Gly Lys Val Thr Asp

85 90 95

45

ttc gtc tgc gag tac aag ttc gat acc gaa ttt gaa cgc gaa atc aaa 336

Phe Val Cys Glu Tyr Lys Phe Asp Thr Glu Phe Glu Arg Glu Ile Lys

100 105 110

50

cga gaa gtc ttc aag att gtg cga cga ggc aag gat ttc ggt act ttg 384

Arg Glu Val Phe Lys Ile Val Arg Arg Gly Lys Asp Phe Gly Thr Leu

115 120 125

55

60

gga tgg ttc ttc cgt gcg ttt tgc tac att gcc att ttc ttc tac ctg 432

Gly Trp Phe Phe Arg Ala Phe Cys Tyr Ile Ala Ile Phe Phe Tyr Leu

130 135 140

65

# DE 102 19 203 A 1

5    cag tac cat tgg gtc acc acg gga acc tct tgg ctg ctg gcc gtg gcc    480  
      Gln Tyr His Trp Val Thr Thr Gly Thr Ser Trp Leu Leu Ala Val Ala  
      145                            150                            155                            160

10    tac gga atc tcc caa gcg atg att ggc atg aat gtc cag cac gat gcc    528  
      Tyr Gly Ile Ser Gln Ala Met Ile Gly Met Asn Val Gln His Asp Ala  
                                  165                            170                            175

15    aac cac ggg gcc acc tcc aag cgt ccc tgg gtc aac gac atg cta ggc    576  
      Asn His Gly Ala Thr Ser Lys Arg Pro Trp Val Asn Asp Met Leu Gly  
                                  180                            185                            190

20    ctc ggt gcg gat ttt att ggt ggt tcc aag tgg ctc tgg cag gaa caa    624  
      Leu Gly Ala Asp Phe Ile Gly Gly Ser Lys Trp Leu Trp Gln Glu Gln  
                                  195                            200                            205

25    cac tgg acc cac cac gct tac acc aat cac gcc gag atg gat ccc gat    672  
      His Trp Thr His His Ala Tyr Thr Asn His Ala Glu Met Asp Pro Asp  
      210                            215                            220

35    agc ttt ggt gcc gaa cca atg ctc cta ttc aac gac tat ccc ttg gat    720  
      Ser Phe Gly Ala Glu Pro Met Leu Leu Phe Asn Asp Tyr Pro Leu Asp  
      225                            230                            235                            240

40    cat ccc gct cgt acc tgg cta cat cgc ttt caa gca ttc ttt tac atg    768  
      His Pro Ala Arg Thr Trp Leu His Arg Phe Gln Ala Phe Phe Tyr Met  
                                  245                            250                            255

45    ccc gtc ttg gct gga tac tgg ttg tcc gct gtc ttc aat cca caa att    816  
      Pro Val Leu Ala Gly Tyr Trp Leu Ser Ala Val Phe Asn Pro Gln Ile  
      50                            260                            265                            270

55    ctt gac ctc cag caa cgc ggc gca ctt tcc gtc ggt atc cgt ctc gac    864  
      Leu Asp Leu Gln Gln Arg Gly Ala Leu Ser Val Gly Ile Arg Leu Asp  
                                  275                            280                            285

60    aac gct ttc att cac tcg cga cgc aag tat gcg gtt ttc tgg cgg gct    912  
      Asn Ala Phe Ile His Ser Arg Arg Lys Tyr Ala Val Phe Trp Arg Ala  
                                  290                            295                            300

65

# DE 102 19 203 A 1

gtg tac att gcg gtg aac gtg att gct ccg ttt tac aca aac tcc ggc	960	
Val Tyr Ile Ala Val Asn Val Ile Ala Pro Phe Tyr Thr Asn Ser Gly		
305 310 315 320		5
ctc gaa tgg tcc tgg cgt gtc ttt gga aac atc atg ctc atg ggt gtg	1008	
Leu Glu Trp Ser Trp Arg Val Phe Gly Asn Ile Met Leu Met Gly Val		10
325 330 335		
gcg gaa tcg ctc gcg ctg gcg gtc ctg ttt tcg ttg tcg cac aat ttc	1056	15
Ala Glu Ser Leu Ala Leu Ala Val Leu Phe Ser Leu Ser His Asn Phe		
340 345 350		
		20
gaa tcc gcg gat cgc gat ccg acc gcc cca ctg aaa aag acg gga gaa	1104	
Glu Ser Ala Asp Arg Asp Pro Thr Ala Pro Leu Lys Lys Thr Gly Glu		
355 360 365		25
cca gtc gac tgg ttc aag aca cag gtc gaa act tcc tgc act tac ggt	1152	
Pro Val Asp Trp Phe Lys Thr Gln Val Glu Thr Ser Cys Thr Tyr Gly		30
370 375 380		
gga ttc ctt tcc ggt tgc ttc acg gga ggt ctc aac ttt cag gtt gaa	1200	35
Gly Phe Leu Ser Gly Cys Phe Thr Gly Gly Leu Asn Phe Gln Val Glu		
385 390 395 400		
		40
cac cac ttg ttc cca cgc atg agc agc gct tgg tat ccc tac att gcc	1248	
His His Leu Phe Pro Arg Met Ser Ser Ala Trp Tyr Pro Tyr Ile Ala		
405 410 415		45
ccc aag gtc cgc gaa att tgc gcc aaa cac ggc gtc cac tac gcc tac	1296	
Pro Lys Val Arg Glu Ile Cys Ala Lys His Gly Val His Tyr Ala Tyr		50
420 425 430		
tac ccg tgg atc cac caa aac ttt ctc tcc acc gtc cgc tac atg cac	1344	55
Tyr Pro Trp Ile His Gln Asn Phe Leu Ser Thr Val Arg Tyr Met His		
435 440 445		
gcg gcc ggg acc ggt gcc aac tgg cgc cag atg gcc aga gaa aat ccc	1392	60
Ala Ala Gly Thr Gly Ala Asn Trp Arg Gln Met Ala Arg Glu Asn Pro		
450 455 460		65

# DE 102 19 203 A 1

ttg acc gga cgg gcg taa  
 Leu Thr Gly Arg Ala  
 5 465 470

10 <210> 22  
 <211> 469  
 <212> PRT  
 15 <213> Phaeodactylum tricornutum

<400> 22  
 20 Met Ala Pro Asp Ala Asp Lys Leu Arg Gln Arg Gln Thr Thr Ala Val  
 1 5 10 15

25 Ala Lys His Asn Ala Ala Thr Ile Ser Thr Gln Glu Arg Leu Cys Ser  
 20 25 30

30 Leu Ser Ser Leu Lys Gly Glu Glu Val Cys Ile Asp Gly Ile Ile Tyr  
 35 40 45

35 Asp Leu Gln Ser Phe Asp His Pro Gly Gly Glu Thr Ile Lys Met Phe  
 50 55 60

40 Gly Gly Asn Asp Val Thr Val Gln Tyr Lys Met Ile His Pro Tyr His  
 65 70 75 80

45 Thr Glu Lys His Leu Glu Lys Met Lys Arg Val Gly Lys Val Thr Asp  
 85 90 95

50 Phe Val Cys Glu Tyr Lys Phe Asp Thr Glu Phe Glu Arg Glu Ile Lys  
 100 105 110

55 Arg Glu Val Phe Lys Ile Val Arg Arg Gly Lys Asp Phe Gly Thr Leu  
 115 120 125

60 Gly Trp Phe Phe Arg Ala Phe Cys Tyr Ile Ala Ile Phe Phe Tyr Leu  
 130 135 140

65 Gln Tyr His Trp Val Thr Thr Gly Thr Ser Trp Leu Leu Ala Val Ala

# DE 102 19 203 A 1

145	150	155	160	
Tyr Gly Ile Ser Gln Ala Met Ile Gly Met Asn Val Gln His Asp Ala				5
165		170	175	
Asn His Gly Ala Thr Ser Lys Arg Pro Trp Val Asn Asp Met Leu Gly				10
180	185	190		
Leu Gly Ala Asp Phe Ile Gly Gly Ser Lys Trp Leu Trp Gln Glu Gln				15
195	200	205		
His Trp Thr His His Ala Tyr Thr Asn His Ala Glu Met Asp Pro Asp				20
210	215	220		
Ser Phe Gly Ala Glu Pro Met Leu Leu Phe Asn Asp Tyr Pro Leu Asp				25
225	230	235	240	
His Pro Ala Arg Thr Trp Leu His Arg Phe Gln Ala Phe Phe Tyr Met				30
245	250	255		
Pro Val Leu Ala Gly Tyr Trp Leu Ser Ala Val Phe Asn Pro Gln Ile				35
260	265	270		
Leu Asp Leu Gln Gln Arg Gly Ala Leu Ser Val Gly Ile Arg Leu Asp				40
275	280	285		
Asn Ala Phe Ile His Ser Arg Arg Lys Tyr Ala Val Phe Trp Arg Ala				45
290	295	300		
Val Tyr Ile Ala Val Asn Val Ile Ala Pro Phe Tyr Thr Asn Ser Gly				50
305	310	315	320	
Leu Glu Trp Ser Trp Arg Val Phe Gly Asn Ile Met Leu Met Gly Val				55
325	330	335		
Ala Glu Ser Leu Ala Leu Ala Val Leu Phe Ser Leu Ser His Asn Phe				60
340	345	350		
Glu Ser Ala Asp Arg Asp Pro Thr Ala Pro Leu Lys Lys Thr Gly Glu				65
355	360	365		

# DE 102 19 203 A 1

Pro Val Asp Trp Phe Lys Thr Gln Val Glu Thr Ser Cys Thr Tyr Gly  
370 375 380

5

Gly Phe Leu Ser Gly Cys Phe Thr Gly Gly Leu Asn Phe Gln Val Glu  
385 390 395 400

10

His His Leu Phe Pro Arg Met Ser Ser Ala Trp Tyr Pro Tyr Ile Ala  
405 410 415

15

Pro Lys Val Arg Glu Ile Cys Ala Lys His Gly Val His Tyr Ala Tyr  
420 425 430

20

Tyr Pro Trp Ile His Gln Asn Phe Leu Ser Thr Val Arg Tyr Met His  
435 440 445

25

Ala Ala Gly Thr Gly Ala Asn Trp Arg Gln Met Ala Arg Glu Asn Pro  
450 455 460

30

Leu Thr Gly Arg Ala  
465

35

<210> 23

<211> 1344

40

<212> DNA

<213> Caenorhabditis elegans

45

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1344)

50

<223> Delta-5-Desaturase

<400> 23

55

atg gta tta cga gag caa gag cat gag cca ttc ttc att aaa att gat 48  
Met Val Leu Arg Glu Gln Glu His Glu Pro Phe Phe Ile Lys Ile Asp  
1 5 10 15

60

gga aaa tgg tgt caa att gac gat gct gtc ctg aga tca cat cca ggt 96  
Gly Lys Trp Cys Gln Ile Asp Asp Ala Val Leu Arg Ser His Pro Gly

65



# DE 102 19 203 A 1

20	25	30		
ggt agt gca att act acc tat aaa aat atg gat gcc act acc gta ttc	144	5		
Gly Ser Ala Ile Thr Thr Tyr Lys Asn Met Asp Ala Thr Thr Val Phe				
35 40 45				
cac aca ttc cat act ggt tct aaa gaa gcg tat caa tgg ctg aca gaa	192	10		
His Thr Phe His Thr Gly Ser Lys Glu Ala Tyr Gln Trp Leu Thr Glu				
50 55 60		15		
ttg aaa aaa gag tgc cct aca caa gaa cca gag atc cca gat att aag	240			
Leu Lys Lys Glu Cys Pro Thr Gln Glu Pro Glu Ile Pro Asp Ile Lys		20		
65 70 75 80				
gat gac cca atc aaa gga att gat gat gtg aac atg gga act ttc aat	288	25		
Asp Asp Pro Ile Lys Gly Ile Asp Asp Val Asn Met Gly Thr Phe Asn				
85 90 95				
att tct gag aaa cga tct gcc caa ata aat aaa agt ttc act gat cta	336	30		
Ile Ser Glu Lys Arg Ser Ala Gln Ile Asn Lys Ser Phe Thr Asp Leu				
100 105 110		35		
cgt atg cga gtt cgt gca gaa gga ctt atg gat gga tct cct ttg ttc	384			
Arg Met Arg Val Arg Ala Glu Gly Leu Met Asp Gly Ser Pro Leu Phe		40		
115 120 125				
tac att aga aaa att ctt gaa aca atc ttc aca att ctt ttt gca ttc	432	45		
Tyr Ile Arg Lys Ile Leu Glu Thr Ile Phe Thr Ile Leu Phe Ala Phe				
130 135 140				
tac ctt caa tac cac aca tat tat ctt cca tca gct att cta atg gga	480	50		
Tyr Leu Gln Tyr His Thr Tyr Tyr Leu Pro Ser Ala Ile Leu Met Gly				
145 150 155 160		55		
gtt gcg tgg caa caa ttg gga tgg tta atc cat gaa ttc gca cat cat	528			
Val Ala Trp Gln Gln Leu Gly Trp Leu Ile His Glu Phe Ala His His		60		
165 170 175				
cag ttg ttc aaa aac aga tac tac aat gat ttg gcc agc tat ttc gtt	576			
Gln Leu Phe Lys Asn Arg Tyr Tyr Asn Asp Leu Ala Ser Tyr Phe Val		65		

# DE 102 19 203 A 1

	180	185	190	
5	gga aac ttt tta caa gga ttc tca tct ggt ggt tgg aaa gag cag cac			624
	Gly Asn Phe Leu Gln Gly Phe Ser Ser Gly Gly Trp Lys Glu Gln His			
	195	200	205	
10	aat gtg cat cac gca gcc aca aat gtt gtt gga cga gac gga gat ctt			672
	Asn Val His His Ala Ala Thr Asn Val Val Gly Arg Asp Gly Asp Leu			
	210	215	220	
15				
	gat tta gtc cca ttc tat gct aca gtg gca gaa cat ctc aac aat tat			720
20	Asp Leu Val Pro Phe Tyr Ala Thr Val Ala Glu His Leu Asn Asn Tyr			
	225	230	235	240
25	tct cag gat tca tgg gtt atg act cta ttc aga tgg caa cat gtt cat			768
	Ser Gln Asp Ser Trp Val Met Thr Leu Phe Arg Trp Gln His Val His			
	245	250	255	
30				
	tgg aca ttc atg tta cca ttc ctc cgt ctc tcg tgg ctt ctt cag tca			816
	Trp Thr Phe Met Leu Pro Phe Leu Arg Leu Ser Trp Leu Leu Gln Ser			
	260	265	270	
35				
	atc att ttt gtt agt cag atg cca act cat tat tat gac tat tac aga			864
40	Ile Ile Phe Val Ser Gln Met Pro Thr His Tyr Tyr Asp Tyr Tyr Arg			
	275	280	285	
45	aat act gcg att tat gaa cag gtt ggt ctc tct ttg cac tgg gct tgg			912
	Asn Thr Ala Ile Tyr Glu Gln Val Gly Leu Ser Leu His Trp Ala Trp			
	290	295	300	
50				
	tca ttg ggt caa ttg tat ttc cta ccc gat tgg tca act aga ata atg			960
	Ser Leu Gly Gln Leu Tyr Phe Leu Pro Asp Trp Ser Thr Arg Ile Met			
	305	310	315	320
55				
	ttc ttc ctt gtt tct cat ctt gtt gga ggt ttc ctg ctc tct cat gta			1008
60	Phe Phe Leu Val Ser His Leu Val Gly Gly Phe Leu Leu Ser His Val			
	325	330	335	
65	gtt act ttc aat cat tat tca gtg gag aag ttt gca ttg agc tcg aac			1056
	Val Thr Phe Asn His Tyr Ser Val Glu Lys Phe Ala Leu Ser Ser Asn			

# DE 102 19 203 A 1

340	345	350		
atc atg tca aat tac gct tgt ctt caa atc atg acc aca aga aat atg	1104	5		
Ile Met Ser Asn Tyr Ala Cys Leu Gln Ile Met Thr Thr Arg Asn Met				
355	360	365		
			10	
aga cct gga aga ttc att gac tgg ctt tgg gga ggt ctt aac tat cag	1152			
Arg Pro Gly Arg Phe Ile Asp Trp Leu Trp Gly Gly Leu Asn Tyr Gln				
370	375	380	15	
att gag cac cat ctt ttc cca acg atg cca cga cac aac ttg aac act	1200			
Ile Glu His His Leu Phe Pro Thr Met Pro Arg His Asn Leu Asn Thr		20		
385	390	395	400	
gtt atg cca ctt gtt aag gag ttt gca gca gca aat ggt tta cca tac	1248	25		
Val Met Pro Leu Val Lys Glu Phe Ala Ala Ala Asn Gly Leu Pro Tyr				
405	410	415		
			30	
atg gtc gac gat tat ttc aca gga ttc tgg ctt gaa att gag caa ttc	1296			
Met Val Asp Asp Tyr Phe Thr Gly Phe Trp Leu Glu Ile Glu Gln Phe				
420	425	430	35	
cga aat att gca aat gtt gct gct aaa ttg act aaa aag att gcc tag	1344			
Arg Asn Ile Ala Asn Val Ala Ala Lys Leu Thr Lys Lys Ile Ala		40		
435	440	445		
<210> 24			45	
<211> 447				
<212> PRT				
<213> Caenorhabditis elegans			50	
<400> 24				
Met Val Leu Arg Glu Gln Glu His Glu Pro Phe Phe Ile Lys Ile Asp		55		
1	5	10	15	
Gly Lys Trp Cys Gln Ile Asp Asp Ala Val Leu Arg Ser His Pro Gly				60
20	25	30		
Gly Ser Ala Ile Thr Thr Tyr Lys Asn Met Asp Ala Thr Thr Val Phe			65	

# DE 102 19 203 A 1

	35	40	45
5	His Thr Phe His Thr Gly Ser Lys Glu Ala Tyr Gln Trp Leu Thr Glu		
	50	55	60
10	Leu Lys Lys Glu Cys Pro Thr Gln Glu Pro Glu Ile Pro Asp Ile Lys		
	65	70	75 80
15	Asp Asp Pro Ile Lys Gly Ile Asp Asp Val Asn Met Gly Thr Phe Asn		
	85	90	95
20	Ile Ser Glu Lys Arg Ser Ala Gln Ile Asn Lys Ser Phe Thr Asp Leu		
	100	105	110
25	Arg Met Arg Val Arg Ala Glu Gly Leu Met Asp Gly Ser Pro Leu Phe		
	115	120	125
30	Tyr Ile Arg Lys Ile Leu Glu Thr Ile Phe Thr Ile Leu Phe Ala Phe		
	130	135	140
35	Tyr Leu Gln Tyr His Thr Tyr Tyr Leu Pro Ser Ala Ile Leu Met Gly		
	145	150	155 160
40	Val Ala Trp Gln Gln Leu Gly Trp Leu Ile His Glu Phe Ala His His		
	165	170	175
45	Gln Leu Phe Lys Asn Arg Tyr Tyr Asn Asp Leu Ala Ser Tyr Phe Val		
	180	185	190
50	Gly Asn Phe Leu Gln Gly Phe Ser Ser Gly Gly Trp Lys Glu Gln His		
	195	200	205
55	Asn Val His His Ala Ala Thr Asn Val Val Gly Arg Asp Gly Asp Leu		
	210	215	220
60	Asp Leu Val Pro Phe Tyr Ala Thr Val Ala Glu His Leu Asn Asn Tyr		
	225	230	235 240
65	Ser Gln Asp Ser Trp Val Met Thr Leu Phe Arg Trp Gln His Val His		
	245	250	255

# DE 102 19 203 A 1

Trp Thr Phe Met Leu Pro Phe Leu Arg Leu Ser Trp Leu Leu Gln Ser  
260 265 270

Ile Ile Phe Val Ser Gln Met Pro Thr His Tyr Tyr Asp Tyr Tyr Arg  
275 280 285

Asn Thr Ala Ile Tyr Glu Gln Val Gly Leu Ser Leu His Trp Ala Trp  
290 295 300

Ser Leu Gly Gln Leu Tyr Phe Leu Pro Asp Trp Ser Thr Arg Ile Met  
305 310 315 320

Phe Phe Leu Val Ser His Leu Val Gly Gly Phe Leu Leu Ser His Val  
325 330 335

Val Thr Phe Asn His Tyr Ser Val Glu Lys Phe Ala Leu Ser Ser Asn  
340 345 350

Ile Met Ser Asn Tyr Ala Cys Leu Gln Ile Met Thr Thr Arg Asn Met  
355 360 365

Arg Pro Gly Arg Phe Ile Asp Trp Leu Trp Gly Gly Leu Asn Tyr Gln  
370 375 380

Ile Glu His His Leu Phe Pro Thr Met Pro Arg His Asn Leu Asn Thr  
385 390 395 400

Val Met Pro Leu Val Lys Glu Phe Ala Ala Ala Asn Gly Leu Pro Tyr  
405 410 415

Met Val Asp Asp Tyr Phe Thr Gly Phe Trp Leu Glu Ile Glu Gln Phe  
420 425 430

Arg Asn Ile Ala Asn Val Ala Ala Lys Leu Thr Lys Lys Ile Ala  
435 440 445

<210> 25

<211> 954

# DE 102 19 203 A 1

<212> DNA

<213> Mortierella alpina

5

<220>

<221> CDS

10

<222> (1)..(954)

<223> Delta-6-Elongase

15

<400> 25

atg gcc gcc gca atc ttg gac aag gtc aac ttc ggc att gat cag ccc 48

Met Ala Ala Ala Ile Leu Asp Lys Val Asn Phe Gly Ile Asp Gln Pro

20

1 5 10 15

ttc gga atc aag ctc gac acc tac ttt gct cag gcc tat gaa ctc gtc 96

25

Phe Gly Ile Lys Leu Asp Thr Tyr Phe Ala Gln Ala Tyr Glu Leu Val

20 25 30

acc gga aag tcc atc gac tcc ttc gtc ttc cag gag ggc gtc acg cct 144

30

Thr Gly Lys Ser Ile Asp Ser Phe Val Phe Gln Glu Gly Val Thr Pro

35 40 45

35

ctc tcg acc cag aga gag gtc gcc atg tgg act atc act tac ttc gtc 192

Leu Ser Thr Gln Arg Glu Val Ala Met Trp Thr Ile Thr Tyr Phe Val

50 55 60

40

gtc atc ttt ggt ggt cgc cag atc atg aag agc cag gac gcc ttc aag 240

45

Val Ile Phe Gly Gly Arg Gln Ile Met Lys Ser Gln Asp Ala Phe Lys

65 70 75 80

ctc aag ccc ctc ttc atc ctc cac aac ttc ctc ctg acg atc gcg tcc 288

50

Leu Lys Pro Leu Phe Ile Leu His Asn Phe Leu Leu Thr Ile Ala Ser

85 90 95

55

gga tcg ctg ttg ctc ctg ttc atc gag aac ctg gtc ccc atc ctc gcc 336

Gly Ser Leu Leu Leu Leu Phe Ile Glu Asn Leu Val Pro Ile Leu Ala

100 105 110

60

aga aac gga ctt ttc tac gcc atc tgc gac gac ggt gcc tgg acc cag 384

65

Arg Asn Gly Leu Phe Tyr Ala Ile Cys Asp Asp Gly Ala Trp Thr Gln

115 120 125

# DE 102 19 203 A 1

cgc ctc gag ctc ctc tac tac ctc aac tac ctg gtc aag tac tgg gag	432	
Arg Leu Glu Leu Leu Tyr Tyr Leu Asn Tyr Leu Val Lys Tyr Trp Glu		
130 135 140		5
ttg gcc gac acc gtc ttt ttg gtc ctc aag aag aag cct ctt gag ttc	480	
Leu Ala Asp Thr Val Phe Leu Val Leu Lys Lys Lys Pro Leu Glu Phe		10
145 150 155 160		
ctg cac tac ttc cac cac tcg atg acc atg gtt ctc tgc ttt gtc cag	528	15
Leu His Tyr Phe His His Ser Met Thr Met Val Leu Cys Phe Val Gln		
165 170 175		
ctt gga gga tac act tca gtg tcc tgg gtc cct att acc ctc aac ttg	576	20
Leu Gly Gly Tyr Thr Ser Val Ser Trp Val Pro Ile Thr Leu Asn Leu		
180 185 190		25
act gtc cac gtc ttc atg tac tac tac tac atg cgc tcc gct gcc ggt	624	
Thr Val His Val Phe Met Tyr Tyr Tyr Tyr Met Arg Ser Ala Ala Gly		30
195 200 205		
gtt cgc atc tgg tgg aag cag tac ttg acc act ctc cag atc gtc cag	672	35
Val Arg Ile Trp Trp Lys Gln Tyr Leu Thr Thr Leu Gln Ile Val Gln		
210 215 220		
ttc gtt ctt gac ctc gga ttc atc tac ttc tgc gcc tac acc tac ttc	720	40
Phe Val Leu Asp Leu Gly Phe Ile Tyr Phe Cys Ala Tyr Thr Tyr Phe		
225 230 235 240		45
gcc ttc acc tac ttc ccc tgg gct ccc aac gtc ggc aag tgc gcc ggt	768	
Ala Phe Thr Tyr Phe Pro Trp Ala Pro Asn Val Gly Lys Cys Ala Gly		50
245 250 255		
acc gag ggt gct gct ctc ttt ggc tgc gga ctc ctc tcc agc tat ctc	816	55
Thr Glu Gly Ala Ala Leu Phe Gly Cys Gly Leu Leu Ser Ser Tyr Leu		
260 265 270		
ttg ctc ttt atc aac ttc tac cgc att acc tac aat gcc aag gcc aag	864	60
Leu Leu Phe Ile Asn Phe Tyr Arg Ile Thr Tyr Asn Ala Lys Ala Lys		
275 280 285		65

# DE 102 19 203 A 1

gca gcc aag gag cgt gga agc aac ttt acc ccc aag act gtc aag tcc 912  
Ala Ala Lys Glu Arg Gly Ser Asn Phe Thr Pro Lys Thr Val Lys Ser  
5 290 295 300

ggc gga tcg ccc aag aag ccc tcc aag agc aag cac atc taa 954  
10 Gly Gly Ser Pro Lys Lys Pro Ser Lys Ser Lys His Ile  
305 310 315

15 <210> 26  
<211> 317  
20 <212> PRT  
<213> Mortierella alpina

25 <400> 26  
Met Ala Ala Ala Ile Leu Asp Lys Val Asn Phe Gly Ile Asp Gln Pro  
1 5 10 15

30 Phe Gly Ile Lys Leu Asp Thr Tyr Phe Ala Gln Ala Tyr Glu Leu Val  
20 25 30

35 Thr Gly Lys Ser Ile Asp Ser Phe Val Phe Gln Glu Gly Val Thr Pro  
35 40 45

40 Leu Ser Thr Gln Arg Glu Val Ala Met Trp Thr Ile Thr Tyr Phe Val  
50 55 60

45 Val Ile Phe Gly Gly Arg Gln Ile Met Lys Ser Gln Asp Ala Phe Lys  
65 70 75 80

50 Leu Lys Pro Leu Phe Ile Leu His Asn Phe Leu Leu Thr Ile Ala Ser  
85 90 95

55 Gly Ser Leu Leu Leu Leu Phe Ile Glu Asn Leu Val Pro Ile Leu Ala  
100 105 110

60 Arg Asn Gly Leu Phe Tyr Ala Ile Cys Asp Asp Gly Ala Trp Thr Gln  
115 120 125

65



# DE 102 19 203 A 1

Arg Leu Glu Leu Leu Tyr Tyr Leu Asn Tyr Leu Val Lys Tyr Trp Glu  
130 135 140

Leu Ala Asp Thr Val Phe Leu Val Leu Lys Lys Lys Pro Leu Glu Phe  
145 150 155 160

Leu His Tyr Phe His His Ser Met Thr Met Val Leu Cys Phe Val Gln  
165 170 175

Leu Gly Gly Tyr Thr Ser Val Ser Trp Val Pro Ile Thr Leu Asn Leu  
180 185 190

Thr Val His Val Phe Met Tyr Tyr Tyr Tyr Met Arg Ser Ala Ala Gly  
195 200 205

Val Arg Ile Trp Trp Lys Gln Tyr Leu Thr Thr Leu Gln Ile Val Gln  
210 215 220

Phe Val Leu Asp Leu Gly Phe Ile Tyr Phe Cys Ala Tyr Thr Tyr Phe  
225 230 235 240

Ala Phe Thr Tyr Phe Pro Trp Ala Pro Asn Val Gly Lys Cys Ala Gly  
245 250 255

Thr Glu Gly Ala Ala Leu Phe Gly Cys Gly Leu Leu Ser Ser Tyr Leu  
260 265 270

Leu Leu Phe Ile Asn Phe Tyr Arg Ile Thr Tyr Asn Ala Lys Ala Lys  
275 280 285

Ala Ala Lys Glu Arg Gly Ser Asn Phe Thr Pro Lys Thr Val Lys Ser  
290 295 300

Gly Gly Ser Pro Lys Lys Pro Ser Lys Ser Lys His Ile  
305 310 315

<210> 27

<211> 1320

<212> DNA

# DE 102 19 203 A 1

<213> Thraustochytrium

5 <220>

<221> CDS

<222> (1)..(1320)

10 <223> Delta-5-Desaturase

<400> 27

15 atg ggc aag ggc agc gag ggc cgc agc gcg gcg cgc gag atg acg gcc 48  
Met Gly Lys Gly Ser Glu Gly Arg Ser Ala Ala Arg Glu Met Thr Ala

1 5 10 15

20 gag gcg aac ggc gac aag cgg aaa acg att ctg atc gag ggc gtc ctg 96  
Glu Ala Asn Gly Asp Lys Arg Lys Thr Ile Leu Ile Glu Gly Val Leu

20 25 30

25 tac gac gcg acg aac ttt aag cac ccg ggc ggt tcg atc atc aac ttc 144  
Tyr Asp Ala Thr Asn Phe Lys His Pro Gly Gly Ser Ile Ile Asn Phe

35 40 45

35 ttg acc gag ggc gag gcc ggc gtg gac gcg acg cag gcg tac cgc gag 192  
Leu Thr Glu Gly Glu Ala Gly Val Asp Ala Thr Gln Ala Tyr Arg Glu

50 55 60

40 ttt cat cag cgg tcc ggc aag gcc gac aag tac ctc aag tcg ctg ccg 240  
Phe His Gln Arg Ser Gly Lys Ala Asp Lys Tyr Leu Lys Ser Leu Pro

65 70 75 80

45 aag ctg gat gcg tcc aag gtg gag tcg cgg ttc tcg gcc aaa gag cag 288  
Lys Leu Asp Ala Ser Lys Val Glu Ser Arg Phe Ser Ala Lys Glu Gln

85 90 95

55 gcg cgg cgc gac gcc atg acg cgc gac tac gcg gcc ttt cgc gag gag 336  
Ala Arg Arg Asp Ala Met Thr Arg Asp Tyr Ala Ala Phe Arg Glu Glu

100 105 110

60 ctc gtc gcc gag ggg tac ttt gac ccg tcg atc ccg cac atg att tac 384  
Leu Val Ala Glu Gly Tyr Phe Asp Pro Ser Ile Pro His Met Ile Tyr

115 120 125

65

# DE 102 19 203 A 1

cgc gtc gtg gag atc gtg gcg ctc ttc gcg ctc tcg ttc tgg ctc atg	432	
Arg Val Val Glu Ile Val Ala Leu Phe Ala Leu Ser Phe Trp Leu Met		
130 135 140		5
tcc aag gcc tcg ccc acc tcg ctc gtg ctg ggc gtg gtg atg aac ggc	480	
Ser Lys Ala Ser Pro Thr Ser Leu Val Leu Gly Val Val Met Asn Gly		10
145 150 155 160		
att gcg cag ggc cgc tgc ggc tgg gtc atg cac gag atg ggc cac ggg	528	15
Ile Ala Gln Gly Arg Cys Gly Trp Val Met His Glu Met Gly His Gly		
165 170 175		
tcg ttc acg ggc gtc atc tgg ctc gac gac cgg atg tgc gag ttc ttc	576	20
Ser Phe Thr Gly Val Ile Trp Leu Asp Asp Arg Met Cys Glu Phe Phe		
180 185 190		25
tac ggc gtc ggc tgc ggc atg agc ggg cac tac tgg aag aac cag cac	624	
Tyr Gly Val Gly Cys Gly Met Ser Gly His Tyr Trp Lys Asn Gln His		30
195 200 205		
agc aag cac cac gcc gcg ccc aac cgc ctc gag cac gat gtc gat ctc	672	35
Ser Lys His His Ala Ala Pro Asn Arg Leu Glu His Asp Val Asp Leu		
210 215 220		
aac acg ctg ccc ctg gtc gcc ttt aac gag cgc gtc gtg cgc aag gtc	720	40
Asn Thr Leu Pro Leu Val Ala Phe Asn Glu Arg Val Val Arg Lys Val		
225 230 235 240		45
aag ccg gga tcg ctg ctg gcg ctc tgg ctg cgc gtg cag gcg tac ctc	768	
Lys Pro Gly Ser Leu Leu Ala Leu Trp Leu Arg Val Gln Ala Tyr Leu		50
245 250 255		
ttt gcg ccc gtc tcg tgc ctg ctc atc ggc ctt ggc tgg acg ctc tac	816	55
Phe Ala Pro Val Ser Cys Leu Leu Ile Gly Leu Gly Trp Thr Leu Tyr		
260 265 270		
ctg cac ccg cgc tac atg ctg cgc acc aag cgg cac atg gag ttc gtc	864	60
Leu His Pro Arg Tyr Met Leu Arg Thr Lys Arg His Met Glu Phe Val		
275 280 285		65

# DE 102 19 203 A 1

5 tgg atc ttc gcg cgc tac att ggc tgg ttc tcg ctc atg ggc gct ctc 912  
 Trp Ile Phe Ala Arg Tyr Ile Gly Trp Phe Ser Leu Met Gly Ala Leu  
 290 295 300

10 ggc tac tcg ccg ggc acc tcg gtc ggg atg tac ctg tgc tcg ttc ggc 960  
 Gly Tyr Ser Pro Gly Thr Ser Val Gly Met Tyr Leu Cys Ser Phe Gly  
 305 310 315 320

15 ctc ggc tgc att tac att ttc ctg cag ttc gcc gtc agc cac acg cac 1008  
 Leu Gly Cys Ile Tyr Ile Phe Leu Gln Phe Ala Val Ser His Thr His  
 325 330 335

20 ctg ccg gtg acc aac ccg gag gac cag ctg cac tgg ctc gag tac gcg 1056  
 Leu Pro Val Thr Asn Pro Glu Asp Gln Leu His Trp Leu Glu Tyr Ala  
 25 340 345 350

30 gcc gac cac acg gtg aac att agc acc aag tcc tgg ctc gtc acg tgg 1104  
 Ala Asp His Thr Val Asn Ile Ser Thr Lys Ser Trp Leu Val Thr Trp  
 355 360 365

35 tgg atg tcg aac ctg aac ttt cag atc gag cac cac ctc ttc ccc acg 1152  
 Trp Met Ser Asn Leu Asn Phe Gln Ile Glu His His Leu Phe Pro Thr  
 370 375 380

40 gcg ccg cag ttc cgc ttc aag gaa atc agt cct cgc gtc gag gcc ctc 1200  
 Ala Pro Gln Phe Arg Phe Lys Glu Ile Ser Pro Arg Val Glu Ala Leu  
 385 390 395 400

45 ttc aag cgc cac aac ctc ccg tac tac gac ctg ccc tac acg agc gcg 1248  
 Phe Lys Arg His Asn Leu Pro Tyr Tyr Asp Leu Pro Tyr Thr Ser Ala  
 50 405 410 415

55 gtc tcg acc acc ttt gcc aat ctt tat tcc gtc ggc cac tcg gtc ggc 1296  
 Val Ser Thr Thr Phe Ala Asn Leu Tyr Ser Val Gly His Ser Val Gly  
 420 425 430

60 gcc gac acc aag aag cag gac tga 1320  
 Ala Asp Thr Lys Lys Gln Asp  
 435 440

65

# DE 102 19 203 A 1

<210> 28

<211> 439

<212> PRT

<213> Thraustochytrium

<400> 28

Met Gly Lys Gly Ser Glu Gly Arg Ser Ala Ala Arg Glu Met Thr Ala

1

5

10

15

Glu Ala Asn Gly Asp Lys Arg Lys Thr Ile Leu Ile Glu Gly Val Leu

20

25

30

Tyr Asp Ala Thr Asn Phe Lys His Pro Gly Gly Ser Ile Ile Asn Phe

35

40

45

Leu Thr Glu Gly Glu Ala Gly Val Asp Ala Thr Gln Ala Tyr Arg Glu

50

55

60

Phe His Gln Arg Ser Gly Lys Ala Asp Lys Tyr Leu Lys Ser Leu Pro

65

70

75

80

Lys Leu Asp Ala Ser Lys Val Glu Ser Arg Phe Ser Ala Lys Glu Gln

85

90

95

Ala Arg Arg Asp Ala Met Thr Arg Asp Tyr Ala Ala Phe Arg Glu Glu

100

105

110

Leu Val Ala Glu Gly Tyr Phe Asp Pro Ser Ile Pro His Met Ile Tyr

115

120

125

Arg Val Val Glu Ile Val Ala Leu Phe Ala Leu Ser Phe Trp Leu Met

130

135

140

Ser Lys Ala Ser Pro Thr Ser Leu Val Leu Gly Val Val Met Asn Gly

145

150

155

160

Ile Ala Gln Gly Arg Cys Gly Trp Val Met His Glu Met Gly His Gly

165

170

175

# DE 102 19 203 A 1

Ser Phe Thr Gly Val Ile Trp Leu Asp Asp Arg Met Cys Glu Phe Phe  
180 185 190

5 Tyr Gly Val Gly Cys Gly Met Ser Gly His Tyr Trp Lys Asn Gln His  
195 200 205

10 Ser Lys His His Ala Ala Pro Asn Arg Leu Glu His Asp Val Asp Leu  
210 215 220

15 Asn Thr Leu Pro Leu Val Ala Phe Asn Glu Arg Val Val Arg Lys Val  
225 230 235 240

20 Lys Pro Gly Ser Leu Leu Ala Leu Trp Leu Arg Val Gln Ala Tyr Leu  
245 250 255

25 Phe Ala Pro Val Ser Cys Leu Leu Ile Gly Leu Gly Trp Thr Leu Tyr  
260 265 270

30 Leu His Pro Arg Tyr Met Leu Arg Thr Lys Arg His Met Glu Phe Val  
275 280 285

35 Trp Ile Phe Ala Arg Tyr Ile Gly Trp Phe Ser Leu Met Gly Ala Leu  
290 295 300

40 Gly Tyr Ser Pro Gly Thr Ser Val Gly Met Tyr Leu Cys Ser Phe Gly  
305 310 315 320

45 Leu Gly Cys Ile Tyr Ile Phe Leu Gln Phe Ala Val Ser His Thr His  
325 330 335

50 Leu Pro Val Thr Asn Pro Glu Asp Gln Leu His Trp Leu Glu Tyr Ala  
340 345 350

55 Ala Asp His Thr Val Asn Ile Ser Thr Lys Ser Trp Leu Val Thr Trp  
355 360 365

60 Trp Met Ser Asn Leu Asn Phe Gln Ile Glu His His Leu Phe Pro Thr  
370 375 380

65 Ala Pro Gln Phe Arg Phe Lys Glu Ile Ser Pro Arg Val Glu Ala Leu

# DE 102 19 203 A 1

385	390	395	400	
Phe Lys Arg His Asn Leu Pro Tyr Tyr Asp Leu Pro Tyr Thr Ser Ala				5
	405	410	415	
Val Ser Thr Thr Phe Ala Asn Leu Tyr Ser Val Gly His Ser Val Gly				10
	420	425	430	
Ala Asp Thr Lys Lys Gln Asp				15
	435			
<210> 29				20
<211> 957				
<212> DNA				25
<213> Mortierella alpina				
<220>				30
<221> CDS				
<222> (1)..(957)				
<223> Delta-6-Elongase				35
<400> 29				
atg gag tcg att gcg cca ttc ctc cca tca aag atg ccg caa gat ctg			48	40
Met Glu Ser Ile Ala Pro Phe Leu Pro Ser Lys Met Pro Gln Asp Leu				
1 5 10 15				
ttt atg gac ctt gcc acc gct atc ggt gtc cgg gcc gcg ccc tat gtc			96	45
Phe Met Asp Leu Ala Thr Ala Ile Gly Val Arg Ala Ala Pro Tyr Val				
20 25 30				50
gat cct ctc gag gcc gcg ctg gtg gcc cag gcc gag aag tac atc ccc			144	
Asp Pro Leu Glu Ala Ala Leu Val Ala Gln Ala Glu Lys Tyr Ile Pro				55
35 40 45				
acg att gtc cat cac acg cgt ggg ttc ctg gtc gcg gtg gag tcg cct			192	60
Thr Ile Val His His Thr Arg Gly Phe Leu Val Ala Val Glu Ser Pro				
50 55 60				
ttg gcc cgt gag ctg ccg ttg atg aac ccg ttc cac gtg ctg ttg atc			240	65

# DE 102 19 203 A 1

	Leu	Ala	Arg	Glu	Leu	Pro	Leu	Met	Asn	Pro	Phe	His	Val	Leu	Leu	Ile	
	65					70					75					80	
5																	
	gtg	ctc	gct	tat	ttg	gtc	acg	gtc	ttt	gtg	ggc	atg	cag	atc	atg	aag	288
	Val	Leu	Ala	Tyr	Leu	Val	Thr	Val	Phe	Val	Gly	Met	Gln	Ile	Met	Lys	
10					85					90						95	
	aac	ttt	gag	cgg	ttc	gag	gtc	aag	acg	ttt	tcg	ctc	ctg	cac	aac	ttt	336
15	Asn	Phe	Glu	Arg	Phe	Glu	Val	Lys	Thr	Phe	Ser	Leu	Leu	His	Asn	Phe	
					100					105						110	
20	tgt	ctg	gtc	tcg	atc	agc	gcc	tac	atg	tgc	ggg	ggg	atc	ctg	tac	gag	384
	Cys	Leu	Val	Ser	Ile	Ser	Ala	Tyr	Met	Cys	Gly	Gly	Ile	Leu	Tyr	Glu	
					115					120						125	
25																	
	gct	tat	cag	gcc	aac	tat	gga	ctg	ttt	gag	aac	gct	gct	gat	cat	acc	432
	Ala	Tyr	Gln	Ala	Asn	Tyr	Gly	Leu	Phe	Glu	Asn	Ala	Ala	Asp	His	Thr	
30		130					135									140	
	ttc	aag	ggg	ctt	cct	atg	gcc	aag	atg	atc	tgg	ctc	ttc	tac	ttc	tcc	480
35	Phe	Lys	Gly	Leu	Pro	Met	Ala	Lys	Met	Ile	Trp	Leu	Phe	Tyr	Phe	Ser	
	145					150					155					160	
40	aag	atc	atg	gag	ttt	gtc	gac	acc	atg	atc	atg	gtc	ctc	aag	aag	aac	528
	Lys	Ile	Met	Glu	Phe	Val	Asp	Thr	Met	Ile	Met	Val	Leu	Lys	Lys	Asn	
					165					170						175	
45																	
	aac	cgc	cag	atc	tcc	ttc	ttg	cac	gtt	tac	cac	cac	agc	tcc	atc	ttc	576
	Asn	Arg	Gln	Ile	Ser	Phe	Leu	His	Val	Tyr	His	His	Ser	Ser	Ile	Phe	
50					180					185						190	
	acc	atc	tgg	tgg	ttg	gtc	acc	ttt	gtt	gca	ccc	aac	ggg	gaa	gcc	tac	624
55	Thr	Ile	Trp	Trp	Leu	Val	Thr	Phe	Val	Ala	Pro	Asn	Gly	Glu	Ala	Tyr	
					195				200				205				
60	ttc	tct	gct	gcg	ttg	aac	tcg	ttc	atc	cat	gtg	atc	atg	tac	ggc	tac	672
	Phe	Ser	Ala	Ala	Leu	Asn	Ser	Phe	Ile	His	Val	Ile	Met	Tyr	Gly	Tyr	
					210				215				220				
65																	
	tac	ttc	ttg	tcg	gcc	ttg	ggc	ttc	aag	cag	gtg	tcg	ttc	atc	aag	ttc	720



# DE 102 19 203 A 1

Tyr Phe Leu Ser Ala Leu Gly Phe Lys Gln Val Ser Phe Ile Lys Phe		
225	230	235 240
5		
tac atc acg cgc tcg cag atg aca cag ttc tgc atg atg tcg gtc cag	768	
Tyr Ile Thr Arg Ser Gln Met Thr Gln Phe Cys Met Met Ser Val Gln		
245	250	255 10
15		
tct tcc tgg gac atg tac gcc atg aag gtc ctt ggc cgc ccc gga tac	816	
Ser Ser Trp Asp Met Tyr Ala Met Lys Val Leu Gly Arg Pro Gly Tyr		
260	265	270 15
20		
ccc ttc ttc atc acg gct ctg ctt tgg ttc tac atg tgg acc atg ctc	864	
Pro Phe Phe Ile Thr Ala Leu Leu Trp Phe Tyr Met Trp Thr Met Leu		
275	280	285 20
25		
ggt ctc ttc tac aac ttt tac aga aag aac gcc aag ttg gcc aag cag	912	
Gly Leu Phe Tyr Asn Phe Tyr Arg Lys Asn Ala Lys Leu Ala Lys Gln		
290	295	300 30
35		
gcc aag gcc gac gct gcc aag gag aag gca agg aag ttg cag taa	957	
Ala Lys Ala Asp Ala Ala Lys Glu Lys Ala Arg Lys Leu Gln		
305	310	315 35
40		
<210> 30		
<211> 318		
<212> PRT		
<213> Mortierella alpina		45
50		
<400> 30		
Met Glu Ser Ile Ala Pro Phe Leu Pro Ser Lys Met Pro Gln Asp Leu		
1	5	10 15
55		
Phe Met Asp Leu Ala Thr Ala Ile Gly Val Arg Ala Ala Pro Tyr Val		
20	25	30 55
60		
Asp Pro Leu Glu Ala Ala Leu Val Ala Gln Ala Glu Lys Tyr Ile Pro		
35	40	45 60
65		
Thr Ile Val His His Thr Arg Gly Phe Leu Val Ala Val Glu Ser Pro		

# DE 102 19 203 A 1

50

55

60

5 Leu Ala Arg Glu Leu Pro Leu Met Asn Pro Phe His Val Leu Leu Ile  
65 70 75 80

10 Val Leu Ala Tyr Leu Val Thr Val Phe Val Gly Met Gln Ile Met Lys  
85 90 95

15 Asn Phe Glu Arg Phe Glu Val Lys Thr Phe Ser Leu Leu His Asn Phe  
100 105 110

20 Cys Leu Val Ser Ile Ser Ala Tyr Met Cys Gly Gly Ile Leu Tyr Glu  
115 120 125

25 Ala Tyr Gln Ala Asn Tyr Gly Leu Phe Glu Asn Ala Ala Asp His Thr  
130 135 140

30 Phe Lys Gly Leu Pro Met Ala Lys Met Ile Trp Leu Phe Tyr Phe Ser  
145 150 155 160

35 Lys Ile Met Glu Phe Val Asp Thr Met Ile Met Val Leu Lys Lys Asn  
165 170 175

40 Asn Arg Gln Ile Ser Phe Leu His Val Tyr His His Ser Ser Ile Phe  
180 185 190

45 Thr Ile Trp Trp Leu Val Thr Phe Val Ala Pro Asn Gly Glu Ala Tyr  
195 200 205

50 Phe Ser Ala Ala Leu Asn Ser Phe Ile His Val Ile Met Tyr Gly Tyr  
210 215 220

55 Tyr Phe Leu Ser Ala Leu Gly Phe Lys Gln Val Ser Phe Ile Lys Phe  
225 230 235 240

60 Tyr Ile Thr Arg Ser Gln Met Thr Gln Phe Cys Met Met Ser Val Gln  
245 250 255

65 Ser Ser Trp Asp Met Tyr Ala Met Lys Val Leu Gly Arg Pro Gly Tyr  
260 265 270

# DE 102 19 203 A 1

Pro Phe Phe Ile Thr Ala Leu Leu Trp Phe Tyr Met Trp Thr Met Leu  
275 280 285

Gly Leu Phe Tyr Asn Phe Tyr Arg Lys Asn Ala Lys Leu Ala Lys Gln  
290 295 300

Ala Lys Ala Asp Ala Ala Lys Glu Lys Ala Arg Lys Leu Gln  
305 310 315

<210> 31

<211> 1374

<212> DNA

<213> Mortierella alpina

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1374)

<223> Delta-6-Desaturase

<400> 31

atg gct gct gct ccc agt gtg agg acg ttt act cgg gcc gag gtt ttg 48  
Met Ala Ala Ala Pro Ser Val Arg Thr Phe Thr Arg Ala Glu Val Leu  
1 5 10 15

aat gcc gag gct ctg aat gag ggc aag aag gat gcc gag gca ccc ttc 96  
Asn Ala Glu Ala Leu Asn Glu Gly Lys Lys Asp Ala Glu Ala Pro Phe  
20 25 30

ttg atg atc atc gac aac aag gtg tac gat gtt cgc gag ttc gtc cct 144  
Leu Met Ile Ile Asp Asn Lys Val Tyr Asp Val Arg Glu Phe Val Pro  
35 40 45

gat cat ccc ggt gga agt gtg att ctc acg cac gtt ggc aag gac ggc 192  
Asp His Pro Gly Gly Ser Val Ile Leu Thr His Val Gly Lys Asp Gly  
50 55 60

act gac gtc ttt gac act ttt cac ccc gag gct gct tgg gag act ctt 240  
Thr Asp Val Phe Asp Thr Phe His Pro Glu Ala Ala Trp Glu Thr Leu

# DE 102 19 203 A 1

	65	70	75	80	
5	gcc aac ttt tac gtt ggt gat att gac gag agc gac cgc gat atc aag				288
	Ala Asn Phe Tyr Val Gly Asp Ile Asp Glu Ser Asp Arg Asp Ile Lys				
		85	90	95	
10	aat gat gac ttt gcg gcc gag gtc cgc aag ctg cgt acc ttg ttc cag				336
	Asn Asp Asp Phe Ala Ala Glu Val Arg Lys Leu Arg Thr Leu Phe Gln				
		100	105	110	
15	tct ctt ggt tac tac gat tct tcc aag gca tac tac gcc ttc aag gtc				384
	Ser Leu Gly Tyr Tyr Asp Ser Ser Lys Ala Tyr Tyr Ala Phe Lys Val				
		115	120	125	
25	tcg ttc aac ctc tgc atc tgg ggt ttg tcg acg gtc att gtg gcc aag				432
	Ser Phe Asn Leu Cys Ile Trp Gly Leu Ser Thr Val Ile Val Ala Lys				
		130	135	140	
30	tgg ggc cag acc tcg acc ctc gcc aac gtg ctc tcg gct gcg ctt ttg				480
	Trp Gly Gln Thr Ser Thr Leu Ala Asn Val Leu Ser Ala Ala Leu Leu				
		145	150	155	160
35	ggt ctg ttc tgg cag cag tgc gga tgg ttg gct cac gac ttt ttg cat				528
	Gly Leu Phe Trp Gln Gln Cys Gly Trp Leu Ala His Asp Phe Leu His				
		165	170	175	
45	cac cag gtc ttc cag gac cgt ttc tgg ggt gat ctt ttc ggc gcc ttc				576
	His Gln Val Phe Gln Asp Arg Phe Trp Gly Asp Leu Phe Gly Ala Phe				
		180	185	190	
50	ttg gga ggt gtc tgc cag ggc ttc tcg tcc tcg tgg tgg aag gac aag				624
	Leu Gly Gly Val Cys Gln Gly Phe Ser Ser Ser Trp Trp Lys Asp Lys				
		195	200	205	
55	cac aac act cac cac gcc gcc ccc aac gtc cac ggc gag gat ccc gac				672
	His Asn Thr His His Ala Ala Pro Asn Val His Gly Glu Asp Pro Asp				
		210	215	220	
65	att gac acc cac cct ctg ttg acc tgg agt gag cat gcg ttg gag atg				720
	Ile Asp Thr His Pro Leu Leu Thr Trp Ser Glu His Ala Leu Glu Met				

## DE 102 19 203 A 1

225	230	235	240		
ttc tcg gat gtc cca gat gag gag ctg acc cgc atg tgg tcg cgt ttc	768	5			
Phe Ser Asp Val Pro Asp Glu Glu Leu Thr Arg Met Trp Ser Arg Phe					
245 250 255					
atg gtc ctg aac cag acc tgg ttt tac ttc ccc att ctc tcg ttt gcc	816	10			
Met Val Leu Asn Gln Thr Trp Phe Tyr Phe Pro Ile Leu Ser Phe Ala					
260 265 270		15			
cgt ctc tcc tgg tgc ctc cag tcc att ctc ttt gtg ctg cct aac ggt	864				
Arg Leu Ser Trp Cys Leu Gln Ser Ile Leu Phe Val Leu Pro Asn Gly		20			
275 280 285					
cag gcc cac aag ccc tcg ggc gcg cgt gtg ccc atc tcg ttg gtc gag	912	25			
Gln Ala His Lys Pro Ser Gly Ala Arg Val Pro Ile Ser Leu Val Glu					
290 295 300					
cag ctg tcg ctt gcg atg cac tgg acc tgg tac ctc gcc acc atg ttc	960	30			
Gln Leu Ser Leu Ala Met His Trp Thr Trp Tyr Leu Ala Thr Met Phe					
305 310 315 320		35			
ctg ttc atc aag gat ccc gtc aac atg ctg gtg tac ttt ttg gtg tcg	1008				
Leu Phe Ile Lys Asp Pro Val Asn Met Leu Val Tyr Phe Leu Val Ser		40			
325 330 335					
cag gcg gtg tgc gga aac ttg ttg gcg atc gtg ttc tcg ctc aac cac	1056	45			
Gln Ala Val Cys Gly Asn Leu Leu Ala Ile Val Phe Ser Leu Asn His					
340 345 350					
aac ggt atg cct gtg atc tcg aag gag gag gcg gtc gat atg gat ttc	1104	50			
Asn Gly Met Pro Val Ile Ser Lys Glu Glu Ala Val Asp Met Asp Phe					
355 360 365		55			
ttc acg aag cag atc atc acg ggt cgt gat gtc cac ccg ggt cta ttt	1152				
Phe Thr Lys Gln Ile Ile Thr Gly Arg Asp Val His Pro Gly Leu Phe		60			
370 375 380					
gcc aac tgg ttc acg ggt gga ttg aac tat cag atc gag cac cac ttg	1200				
Ala Asn Trp Phe Thr Gly Gly Leu Asn Tyr Gln Ile Glu His His Leu		65			

# DE 102 19 203 A 1

	385	390	395	400	
5	ttc cct tcg atg cct cgc cac aac ttt tca aag atc cag cct gct gtc				1248
	Phe Pro Ser Met Pro Arg His Asn Phe Ser Lys Ile Gln Pro Ala Val				
		405	410	415	
10	gag acc ctg tgc aaa aag tac aat gtc cga tac cac acc acc ggt atg				1296
	Glu Thr Leu Cys Lys Lys Tyr Asn Val Arg Tyr His Thr Thr Gly Met				
		420	425	430	
15					
	atc gag gga act gca gag gtc ttt agc cgt ctg aac gag gtc tcc aag				1344
20	Ile Glu Gly Thr Ala Glu Val Phe Ser Arg Leu Asn Glu Val Ser Lys				
		435	440	445	
25	gct gcc tcc aag atg ggt aag gcg cag taa				1374
	Ala Ala Ser Lys Met Gly Lys Ala Gln				
		450	455		
30					
	<210> 32				
35	<211> 457				
	<212> PRT				
	<213> Mortierella alpina				
40					
	<400> 32				
	Met Ala Ala Ala Pro Ser Val Arg Thr Phe Thr Arg Ala Glu Val Leu				
	1 5 10 15				
45					
	Asn Ala Glu Ala Leu Asn Glu Gly Lys Lys Asp Ala Glu Ala Pro Phe				
		20	25	30	
50					
	Leu Met Ile Ile Asp Asn Lys Val Tyr Asp Val Arg Glu Phe Val Pro				
		35	40	45	
55					
	Asp His Pro Gly Gly Ser Val Ile Leu Thr His Val Gly Lys Asp Gly				
		50	55	60	
60					
	Thr Asp Val Phe Asp Thr Phe His Pro Glu Ala Ala Trp Glu Thr Leu				
		65	70	75	80
65					

# DE 102 19 203 A 1

Ala Asn Phe Tyr Val Gly Asp Ile Asp Glu Ser Asp Arg Asp Ile Lys  
85 90 95

Asn Asp Asp Phe Ala Ala Glu Val Arg Lys Leu Arg Thr Leu Phe Gln  
100 105 110

Ser Leu Gly Tyr Tyr Asp Ser Ser Lys Ala Tyr Tyr Ala Phe Lys Val  
115 120 125

Ser Phe Asn Leu Cys Ile Trp Gly Leu Ser Thr Val Ile Val Ala Lys  
130 135 140

Trp Gly Gln Thr Ser Thr Leu Ala Asn Val Leu Ser Ala Ala Leu Leu  
145 150 155 160

Gly Leu Phe Trp Gln Gln Cys Gly Trp Leu Ala His Asp Phe Leu His  
165 170 175

His Gln Val Phe Gln Asp Arg Phe Trp Gly Asp Leu Phe Gly Ala Phe  
180 185 190

Leu Gly Gly Val Cys Gln Gly Phe Ser Ser Ser Trp Trp Lys Asp Lys  
195 200 205

His Asn Thr His His Ala Ala Pro Asn Val His Gly Glu Asp Pro Asp  
210 215 220

Ile Asp Thr His Pro Leu Leu Thr Trp Ser Glu His Ala Leu Glu Met  
225 230 235 240

Phe Ser Asp Val Pro Asp Glu Glu Leu Thr Arg Met Trp Ser Arg Phe  
245 250 255

Met Val Leu Asn Gln Thr Trp Phe Tyr Phe Pro Ile Leu Ser Phe Ala  
260 265 270

Arg Leu Ser Trp Cys Leu Gln Ser Ile Leu Phe Val Leu Pro Asn Gly  
275 280 285

Gln Ala His Lys Pro Ser Gly Ala Arg Val Pro Ile Ser Leu Val Glu

# DE 102 19 203 A 1

290

295

300

5 Gln Leu Ser Leu Ala Met His Trp Thr Trp Tyr Leu Ala Thr Met Phe  
305 310 315 320

10 Leu Phe Ile Lys Asp Pro Val Asn Met Leu Val Tyr Phe Leu Val Ser  
325 330 335

15 Gln Ala Val Cys Gly Asn Leu Leu Ala Ile Val Phe Ser Leu Asn His  
340 345 350

20 Asn Gly Met Pro Val Ile Ser Lys Glu Glu Ala Val Asp Met Asp Phe  
355 360 365

25 Phe Thr Lys Gln Ile Ile Thr Gly Arg Asp Val His Pro Gly Leu Phe  
370 375 380

30 Ala Asn Trp Phe Thr Gly Gly Leu Asn Tyr Gln Ile Glu His His Leu  
385 390 395 400

35 Phe Pro Ser Met Pro Arg His Asn Phe Ser Lys Ile Gln Pro Ala Val  
405 410 415

40 Glu Thr Leu Cys Lys Lys Tyr Asn Val Arg Tyr His Thr Thr Gly Met  
420 425 430

45 Ile Glu Gly Thr Ala Glu Val Phe Ser Arg Leu Asn Glu Val Ser Lys  
435 440 445

50 Ala Ala Ser Lys Met Gly Lys Ala Gln  
450 455

55 <210> 33

<211> 3598

<212> DNA

60 <213> Unknown

<220>

65 <223> Sequenz stellt eine pflanzliche



# DE 102 19 203 A 1

Promotor-Terminator-Expressionskassette in Vektor  
pUC19 dar

<400> 33

tcgcgcggtt	cggatgatgac	ggtgaaaacc	tctgacacat	gcagctcccc	gagacgggtca	60	5
cagcttgtct	gtaagcggat	gccggggagca	gacaagcccc	tcagggcgcg	tcagcgggtg	120	10
ttggcgggtg	tcggggctgg	cttaactatg	cggcatcaga	gcagattgta	ctgagagtgc	180	15
accatatgcg	gtgtgaaata	cgcacagat	gcgtaaggag	aaaataccgc	atcaggcgcc	240	20
attcgccatt	caggctgcgc	aactgttggg	aagggcgatc	ggtgcgggcc	tcttcgctat	300	25
tacgccagct	ggcgaaaggg	ggatgtgctg	caaggcgatt	aagttgggta	acgccagggt	360	30
tttcccagtc	acgacgttgt	aaaacgacgg	ccagtgaatt	cggcgcgccg	agtcctcga	420	35
gcaaatttac	acattgccac	taaacgtcta	aaccttgta	atttgttttt	gttttactat	480	40
gtgtgttatg	tatttgattt	gcgataaatt	tttatatttg	gtactaaatt	tataacacct	540	45
tttatgctaa	cgtttgccaa	cacttagcaa	tttgcaagtt	gattaattga	ttctaaatta	600	50
tttttgtctt	ctaaatacat	atactaata	actggaaatg	taaatatttg	ctaataattc	660	55
tactatagga	gaattaaagt	gagtgaatat	ggtaccacaa	ggtttggaga	tttaattggt	720	60
gcaatgctgc	atggatggca	tatacaccaa	acattcaata	attcttgagg	ataataatgg	780	65
taccacacaa	gatttgaggt	gcatgaacgt	cacgtggaca	aaaggtttag	taatttttca	840	70
agacaacaat	gttaccacac	acaagttttg	aggtgcatgc	atggatgccc	tgtggaaagt	900	75
ttaaaaatat	tttggaaatg	atttgcatgg	aagccatgtg	taaaaccatg	acatccactt	960	80
ggaggatgca	ataatgaaga	aaactacaaa	tttacctgca	actagttatg	catgtagtct	1020	85
atataatgag	gattttgcaa	tactttcatt	catacacact	cactaagttt	tacacgatta	1080	90

# DE 102 19 203 A 1

taattttcttc atagccagcc caccgcggtg ggcggccgcc tgcagtctag aaggcctcct 1140  
 5 gctttaatga gatatgcgag acgcctatga tcgcatgata tttgctttca attctgttgt 1200  
 gcacgttgta aaaaacctga gcatgtgtag ctcagatcct taccgccggt ttcggttcat 1260  
 10 tctaataaat atatcacccg ttactatcgt atttttatga ataataattct ccgttcaatt 1320  
 15 tactgattgt ccgtcgacga attcgagctc ggcgcgccaa gcttggcgta atcatgggtca 1380  
 tagctgtttc ctgtgtgaaa ttgttatccg ctcacaattc cacacaacat acgagccgga 1440  
 20 agcataaagt gtaaagcctg ggggcgctaa tgagtgaagt aactcacatt aattgcgttg 1500  
 25 cgctcactgc ccgctttcca gtcgggaaac ctgtcgtgcc agctgcatta atgaatcggc 1560  
 caacgcgcgg ggagaggcgg tttgcgtatt gggcgctctt ccgcttcctc gctcactgac 1620  
 30 tcgctgcgct cggtcgttcg gctgcggcga gcggtatcag ctcactcaaa ggcggtaata 1680  
 35 cggttatcca cagaatcagg ggataacgca ggaaagaaca tgtgagcaaa aggccagcaa 1740  
 aaggccagga accgtaaaaa ggccgcgttg ctggcgtttt tccataggct ccgccccct 1800  
 40 gacgagcatc acaaaaatcg acgctcaagt cagaggtggc gaaacccgac aggactataa 1860  
 45 agataccagg cgtttcccc tggaagctcc ctctgcgct ctctgttcc gaccctgccg 1920  
 cttaccggat acctgtccgc ctttctcct tcgggaagcg tggcgcttcc tcatagctca 1980  
 50 cgctgtaggt atctcagttc ggtgtaggtc gttcgtcca agctgggctg tgtgcacgaa 2040  
 55 cccccgttc agcccgaccg ctgcgcctta tccggttaact atcgtcttga gtccaacccg 2100  
 gtaagacacg acttatcgcc actggcagca gccactggta acaggattag cagagcgagg 2160  
 60 tatgtaggcg gtgctacaga gttcttgaag tgggtggccta actacggcta cactagaagg 2220  
 65 acagtatttg gtatctgcgc tctgctgaag ccagttacct tcggaaaaag agttggtagc 2280

# DE 102 19 203 A 1

aataaacaaa taggggttcc gcgcacattt ccccgaaaag tgccacctga cgtctaagaa 3540

accattatta tcatgacatt aacctataaa aataggcgta tcacgaggcc ctttcgtc 3598

<210> 34

<211> 3590

<212> DNA

<213> Unknown

<220>

<223> Sequenz stellt eine pflanzliche

Promotor-Terminator-Expressionskassette in Vektor  
pUC19 dar

<400> 34

tgcgcggttt cggtgatgac ggtgaaaacc tctgacacat gcagctcccg gagacgggtca 60

cagcttgtct gtaagcggat gccgggagca gacaagcccg tcagggcgcg tcagcgggtg 120

ttggcgggtg tcggggctgg cttaactatg cggcatcaga gcagattgta ctgagagtgc 180

accatatgcg gtgtgaaata ccgcacagat gcgtaaggag aaaataccgc atcaggcgcc 240

attcgccatt caggctgcgc aactgttggg aaggcgatc ggtgcgggcc tcttcgctat 300

tacgccagct ggcgaaaggg ggatgtgctg caaggcgatt aagttgggta acgccagggt 360

tttcccagtc acgacgttgt aaaacgacgg ccagtgaatt cggcgcgccg agtcctcga 420

gcaaatttac acattgccac taaacgtcta aacccttgta atttgttttt gttttactat 480

gtgtgttatg tatttgattt gcgataaatt tttatatattg gtactaaatt tataacacct 540

tttatgctaa cgtttgccaa cacttagcaa ttgcaagtt gattaattga ttctaaatta 600

tttttgtctt ctaaatacat atactaatca actggaaatg taaatatttg ctaatatattc 660

tactatagga gaattaaagt gagtgaatat ggtaccacaa ggtttggaga ttttaattggt 720

# DE 102 19 203 A 1

gcaatgctgc atggatggca tatacaccaa acattcaata attcttgagg ataataatgg 780

5 taccacacaa gatttgaggt gcatgaacgt cacgtggaca aaagggttag taatttttca 840

agacaacaat gttaccacac acaagttttg aggtgcatgc atggatgccc tgtggaaagt 900

10 ttaaaaatat ttgggaaatg atttgcattg aagccatgtg taaaaccatg acatccactt 960

15 ggaggatgca ataataaga aaactacaaa ttacatgca actagttatg catgtagtct 1020

atataatgag gattttgcaa tactttcatt catacacact cactaagttt tacacgatta 1080

20 taattttctt atagccagcg gatccgatat cgggcccgt agcggttaacc ctgctttaat 1140

25 gagatatgcg agacgcctat gatcgcatga tatttgcttt caattctgtt gtgcacgttg 1200

taaaaaacct gagcatgtgt agctcagatc cttaccgccc gtttcggttc attctaata 1260

30 atatatcacc cgttactatc gtatttttat gaataatatt ctccgttcaa ttactgatt 1320

35 gtccgtcgac gaattcgagc tcggcgcgcc aagcttggcg taatcatggt catagctgtt 1380

tcctgtgtga aattgttate cgctcacaat tccacacaac atacgagccg gaagcataaa 1440

40 gtgtaaagcc tggggcgctt aatgagtgag ctaactcaca ttaattgcgt tgcgctcact 1500

gcccgttttc cagtcgggaa acctgtcgtg ccagctgcat taatgaatcg gccaacgcgc 1560

45 ggggagaggc ggtttgctga ttgggcgctc ttccgcttcc tcgctcactg actcgtcgcg 1620

50 ctcggtcggt cggtgcggc gagcggatc agctcactca aaggcggtta tacgggttatc 1680

cacagaatca ggggataacg caggaaagaa catgtgagca aaaggccagc aaaaggccag 1740

55 gaaccgtaaa aaggccgctg tgctggcggt ttccatagg ctccgcccc ctgacgagca 1800

60 tcacaaaaat cgacgctcaa gtcagaggtg gcgaaacccg acaggactat aaagatacca 1860

65 ggcgttttcc cctggaagct ccctcgtgcg ctctcctgtt ccgaccctgc cgcttaccgg 1920

# DE 102 19 203 A 1

atacctgtcc gcctttctcc cttcggaag cgtggcgctt tctcatagct cacgctgtag 1980  
 gtatctcagt tcggtgtagg tcgttcgctc caagctgggc tgtgtgcacg aacccccct 2040 5  
 tcagcccgac cgctgcgcct tatccggtaa ctatcgtctt gagtccaacc cggtaagaca 2100  
 cgacttatcg ccactggcag cagccactgg taacaggatt agcagagcga ggtatgtagg 2160 10  
 cgggtgtaca gaggttctga agtgggtggc taactacggc tacactagaa ggacagtatt 2220 15  
 tggatctgc gctctgctga agccagttac cttcggaata agagttggta gctcttgatc 2280  
 cggcaataaa accaccgctg gtagcgggtg ttttttggg tgcaagcagc agattacgag 2340 20  
 cagaaaaaaa ggatctcaag aagatccttt gatcttttct acgggggtctg acgctcagtg 2400 25  
 gaacgaaaac tcacgttaag ggattttggg catgagatta tcaaaaagga tcttcaccta 2460  
 gatcctttta aattaaaaat gaagttttta atcaatctaa agtatatatg agtaaacttg 2520 30  
 gtctgacagt taccaatgct taatcagtga ggcacctatc tcagcgatct gtctatttcg 2580 35  
 ttcattcata gttgcctgac tccccgtcgt gtagataact acgatacggg agggcttacc 2640  
 atctggcccc agtgctgcaa tgataccgag agaccacgc tcaccggctc cagatttatc 2700 40  
 agcaataaac cagccagccg gaagggccga ggcgagaagt ggtcctgcaa ctttatccgc 2760 45  
 ctccatccag tctattaatt gttgccggga agctagagta agtagttcgc cagttaatag 2820  
 tttgcgcaac gttgttgcca ttgctacagg catcgtgggtg tcacgctcgt cgtttgggtat 2880 50  
 ggcttcattc agctccggtt cccaacgatc aaggcgagtt acatgatccc ccatgttggtg 2940 55  
 caaaaaagcg gttagctcct tcggtcctcc gatcgttggtc agaagtaagt tggcgcagct 3000  
 gttatcactc atgggttatgg cagcactgca taattctctt actgtcatgc catccgtaag 3060 60  
 atgcttttct gtgactgggtg agtactcaac caagtcattc tgagaatagt gtatgcggcg 3120 65

# DE 102 19 203 A 1

accgagttgc tcttgcccgg cgtcaatacg ggataatacc gcgccacata gcagaacttt 3180  
 5 aaaagtgtc atcattggaa aacgttcttc ggggcgaaaa ctctcaagga tcttaccgct 3240  
 gttgagatcc agttcgatgt aaccactcg tgcacccaac tgatcttcag catcttttac 3300  
 10 tttcaccagc gtttctgggt gagcaaaaac aggaaggcaa aatgccgcaa aaaagggaat 3360  
 15 aagggcgaca cggaatgtt gaatactcat actcttcctt tttcaatatt attgaagcat 3420  
 ttatcagggt tattgtctca tgagcggata catatttgaa tgtatttaga aaaataaaca 3480  
 20 aataggggtt ccgcgcacat ttccccgaaa agtgccacct gacgtctaag aaaccattat 3540  
 25 tatcatgaca ttaacctata aaaataggcg tatcacgagg ccctttcgtc 3590

30 <210> 35  
 <211> 3584  
 <212> DNA  
 35 <213> Unknown

<220>  
 40 <223> Sequenz stellt eine pflanzliche  
 Promotor-Terminator-Expressionskassette in Vektor  
 pUC19 dar

45 <400> 35  
 tcgcgcgttt cggatgatgac ggtgaaaacc tctgacacat gcagctcccg gagacgggtca 60  
 50 cagcttgtct gtaagcggat gccgggagca gacaagcccg tcagggcgcg tcagcgggtg 120  
 ttggcgggtg tcggggctgg cttaactatg cggcatcaga gcagattgta ctgagagtgc 180  
 55 accatatgcg gtgtgaaata ccgcacagat gcgtaaggag aaaataccgc atcaggcgcc 240  
 60 attgccatt caggctgcgc aactgttggg aagggcgatc ggtgcggggc tcttcgctat 300  
 65 tacgccagct ggcgaaaggg ggatgtgctg caaggcgatt aagttgggta acgccagggt 360

# DE 102 19 203 A 1

tttcccagtc acgacgttgt aaaacgacgg ccagtgaatt cggcgcgcgcg agtcctcga 420  
 gcaaatttac acattgccac taaacgtcta aacccttgta atttgttttt gttttactat 480 5  
 gtgtgttatg tatttgattt gcgataaatt tttatatattg gtactaaatt tataacacct 540  
 tttatgctaa cgtttgccaa cacttagcaa tttgcaagtt gattaattga ttctaaatta 600 10  
 tttttgtctt ctaaatacat atactaatca actggaaatg taaatatttg ctaatatctc 660 15  
 tactatagga gaattaaagt gagtgaatat ggtaccacaa ggtttgagga ttttaattgtt 720  
 gcaatgctgc atggatggca tatacaccaa acattcaata attcttgagg ataataatgg 780 20  
 taccacacaa gatttgaggt gcatgaacgt cacgtggaca aaagggttag taatttttca 840 25  
 agacaacaat gttaccacac acaagttttg aggtgcatgc atggatgcc tgtggaaagt 900  
 ttaaaaatat tttggaaatg atttgcatgg aagccatgtg taaaaccatg acatccactt 960 30  
 ggaggatgca ataatgaaga aaactacaaa tttacatgca actagttatg catgtagtct 1020 35  
 atataatgag gattttgcaa tactttcatt catacacact cactaagttt tacacgatta 1080  
 taatttcttc atagccagca gatctgccgg catcgatccc gggccatggc ctgctttaat 1140 40  
 gagatatgcg agacgcctat gatcgcatga tatttgcttt caattctgtt gtgcacgttg 1200 45  
 taaaaaacct gagcatgtgt agtcagatc cttaccgccg gtttcggttc attctaata 1260  
 atatatcacc cgttactatc gtatttttat gaataatatt ctccgttcaa tttactgatt 1320 50  
 gtccgtcgac gagctcggcg cgccaagctt ggcgtaatca tggcatagc tgtttcctgt 1380 55  
 gtgaaattgt tatccgctca caattccaca caacatacga gccggaagca taaagtgtaa 1440  
 agcctggggg gcctaataag tgagctaact cacattaatt gcgttgcgct cactgccccg 1500 60  
 tttccagtcg ggaaacctgt cgtgccagct gcattaatga atcggccaac gcgcgggggag 1560 65

# DE 102 19 203 A 1

aggcgggttg cgtattgggc gctcttcgc ttctcgcgc actgactcgc tgcgctcggg 1620  
 5 cgttcggctg cggcgagcgg tatcagctca ctcaaaggcg gtaatacggg tatccacaga 1680  
 atcaggggat aacgcaggaa agaacatgtg agcaaaaggc cagcaaaagg ccaggaaccg 1740  
 10 taaaaaggcc gcgttgctgg cgtttttcca taggctccgc cccctgacg agcatcacia 1800  
 15 aaatcgacgc tcaagtcaga ggtggcgaaa cccgacagga ctataaagat accaggcggt 1860  
 tccccctgga agctccctcg tgcgctctcc tgttcgacc ctgccgctta ccgatacct 1920  
 20 gtccgccttt ctcccttcgg gaagcgtggc gctttctcat agctcacgt gtaggtatct 1980  
 25 cagttcgggtg taggtcggtc gctccaagct gggctgtgtg cacgaacccc ccgttcagcc 2040  
 cgaccgctgc gccttatccg gtaactatcg tcttgagtcc aaccggtaa gacacgactt 2100  
 30 atcgccactg gcagcagcca ctggtaacag gattagcaga gcgaggtatg taggcggtgc 2160  
 35 tacagagttc ttgaagtggg ggcctaacta cggctacact agaaggacag tatttggtat 2220  
 ctgcgctctg ctgaagccag ttaccttcgg aaaaagagtt gtagctctt gatccggcaa 2280  
 40 acaaaccacc gctggtagcg gtgggttttt tgttgcaag cagcagatta cgcgagaaa 2340  
 45 aaaaggatct caagaagatc ctttgatctt ttctacgggg tctgacgctc agtggaacga 2400  
 aaactcacgt taagggattt tggatcatg attatcaaaa aggatcttca cctagatcct 2460  
 50 tttaaattaa aaatgaagt tttaatcaat ctaaagtata tatgagtaaa cttggtctga 2520  
 55 cagttaccaa tgcttaatca gtgaggcacc tatctcagcg atctgtctat ttcgttcac 2580  
 catagttgcc tgactccccg tcgtgtagat aactacgata cgggaggggt taccatctgg 2640  
 60 cccagtgct gcaatgatac cgcgagaccc acgctcaccg gctccagatt tatcagcaat 2700  
 65 aaaccagcca gccggaaggg ccgagcgcag aagtggctct gcaactttat ccgcctccat 2760



# DE 102 19 203 A 1

```

ccagtcctatt aattgttgcc gggaagctag agtaagtagt tcgccagtta atagtttgcg 2820
caacgttggtt gccattgcta caggcatcgt ggtgtcacgc tcgtcgtttg gtatggcttc 2880
attcagctcc ggttcccaac gatcaaggcg agttacatga tccccatgt tgtgcaaaaa 2940
agcggtttagc tccttcgggc ctccgatcgt tgtcagaagt aagttggccg cagtgttatc 3000
actcatgggtt atggcagcac tgcataattc tcttactgtc atgccatccg taagatgctt 3060
ttctgtgact ggtgagtact caaccaagtc attctgagaa tagtgtatgc ggcgaccgag 3120
ttgctcttgc cggcggtcaa tacgggataa taccgcgcca catagcagaa ctttaaaagt 3180
gctcatcatt ggaaaacgtt cttcggggcg aaaactctca aggatcttac cgctgttgag 3240
atccagttcg atgtaacca ctogtgcacc caactgatct tcagcatctt ttactttcac 3300
cagcgtttct gggtgagcaa aaacaggaag gcaaatgcc gcaaaaaagg gaataagggc 3360
gacacggaaa tgttgaatac tcatactctt cttttttcaa tattattgaa gcatttatca 3420
gggttattgt ctcatgagcg gatacatatt tgaatgtatt tagaaaaata aacaaatagg 3480
ggttccgcgc acatttcccc gaaaagtgcc acctgacgtc taagaaacca ttattatcat 3540
gacattaacc tataaaaaata ggcgatatcac gaggccttt cgtc 3584

<210> 36
<211> 4507
<212> DNA
<213> Unknown

<220>
<223> Sequenz stellt eine pflanzliche
        Promotor-Terminator-Expressionskassette in Vektor
        pUC19 dar

<400> 36

```

# DE 102 19 203 A 1

tcgcgcgttt cggtgatgac ggtgaaaacc tctgacacat gcagctcccc gagacgggtca 60

5 cagcttgtct gtaagcggat gccggggagca gacaagcccc tcagggcgcg tcagcgggtg 120

ttggcgggtg tcggggctgg cttaactatg cggcatcaga gcagattgta ctgagagtgc 180

10 accatatgcg gtgtgaaata ccgcacagat gcgtaaggag aaaataccgc atcaggcgcc 240

15 attcgccatt caggctgcgc aactgttggg aagggcgatc ggtgcgggcc tcttcgctat 300

tacgccagct ggcgaaaggg ggatgtgctg caaggcgatt aagttgggta acgccagggt 360

20 tttcccagtc acgacgttgt aaaacgacgg ccagtgaatt cggcgcgccg agctcctcga 420

25 gcaaatttac acattgccac taaacgtcta aacccttgta atttgttttt gttttactat 480

gtgtgttatg tatttgattt gcgataaatt tttatatttg gtactaaatt tataacacct 540

30 tttatgctaa cgtttgccaa cacttagcaa tttgcaagtt gattaattga ttctaaatta 600

35 tttttgtctt ctaaatacat atactaatca actggaaatg taaatatttg ctaatatttc 660

tactatagga gaattaaagt gagtgaatat ggtaccacaa ggtttggaga ttaattgtt 720

40 gcaatgctgc atggatggca tatacaccaa acattcaata attcttgagg ataataatgg 780

45 taccacacaa gatttgaggt gcatgaacgt cacgtggaca aaaggtttag taatttttca 840

agacaacaat gttaccacac acaagttttg aggtgcatgc atggatgcc tgtggaaagt 900

50 ttaaaaatat tttggaaatg atttgcatgg aagccatgtg taaaaccatg acatccactt 960

55 ggaggatgca ataatagaaga aaactacaaa ttacatgca actagttatg catgtagtct 1020

atataatgag gattttgcaa tactttcatt catacacact cactaagttt tacacgatta 1080

60 taattttctt atagccagcc caccgcgggtg ggcgcccgcc tgcagtctag aaggcctcct 1140

65 gctttaatga gatatgcgag acgcctatga tcgcatgata tttgctttca attctgttgt 1200

# DE 102 19 203 A 1

gcacgttgta aaaaacctga gcatgtgtag ctcagatcct taccgccggt ttcggttcatt	1260	
tctaataaat atatcacccg ttactatcgt atttttatga ataataattct ccgttcaatt	1320	5
tactgattgt ccgtcgagca aatttacaca ttgccactaa acgtctaaac ccttgtaatt	1380	
tggttttggt ttactatgtg tggtatgtat ttgatttgcg ataaattttt atatttggtta	1440	10
ctaaatttat aacacctttt atgctaacgt ttgccaacac ttagcaattt gcaagttgat	1500	15
taattgattc taaattattt ttgtcttcta aatacatata ctaatcaact ggaaatgtaa	1560	
atatttgcta atatttctac tataggagaa ttaaagttag tgaatatggt accacaaggt	1620	20
ttggagattt aattgttgca atgctgcag gatggcatat acaccaaaca ttcaataatt	1680	25
cttgaggata ataatggtac cacacaagat ttgaggtgca tgaacgtcac gtggacaaaa	1740	
ggtttagtaa tttttcaaga caacaatggt accacacaca agttttgagg tgcagtcag	1800	30
gatgccctgt ggaaagttaa aaaatatttt ggaaatgatt tgcaggaag ccatgtgtaa	1860	35
aaccatgaca tccacttgga ggatgcaata atgaagaaaa ctacaaattt acatgcaact	1920	
agttatgcat gtagtctata taatgaggat ttgcaatc tttcattcat acacactcac	1980	40
taagttttac acgattataa tttcttcata gccagcggat ccgatatcgg gccgctagc	2040	45
gttaaccctg ctttaatgag atatgcgaga cgcctatgat cgcagatgat ttgctttcaa	2100	
ttctgttggt cacgttgtaa aaaacctgag catgtgtagc tcagatcctt accgccggtt	2160	50
tcggttcatt ctaatgaata tatcacccgt tactatcgta tttttatgaa taatattctc	2220	55
cggtcaattt actgattgtc ccgtcgacgaa ttcgagctcg gcgcgccaag cttggcgtaa	2280	
tcaggtcat agctgtttcc tgtgtgaaat tggtatccgc tcacaattcc acacaacata	2340	60
cgagccggaa gcataaagtg taaagcctgg ggtgcctaata gaggagcta actcacatta	2400	65

# DE 102 19 203 A 1

attgcgttgc gctcactgcc cgctttccag tcgggaaacc tgtcgtgcc gctgcattaa 2460

5 tgaatcggcc aacgcgcggg gagaggcggg ttgcgtattg ggcgctcttc cgcttcctcg 2520

ctcactgact cgctgcgctc ggtcgttcgg ctgcggcgag cggtatcagc tcaactcaaag 2580

10 gcggtataac gggtatccac agaatacagg gataacgcag gaaagaacat gtgagcaaaa 2640

15 ggccagcaaa aggccaggaa ccgtaaaaag gccgcgttgc tggcgttttt ccataggctc 2700

cgccccctg acgagcatca caaaaatcga cgctcaagtc agaggtggcg aaacccgaca 2760

20 ggactataaa gataccaggc gtttccccct ggaagctccc tcgtgcgctc tctgtttccg 2820

accctgccgc ttaccggata cctgtccgcc tttctccctt cgggaagcgt ggcgctttct 2880

25 catagctcac gctgtaggta tctcagttcg gtgtaggtcg ttcgctcaa gctgggctgt 2940

30 gtgcacgaac cccccgttca gcccgaccgc tgcgccttat ccggtacta tcgtcttgag 3000

tccaacccgg taagacacga cttatcgcca ctggcagcag ccaactggtaa caggattagc 3060

35 agagcgagggt atgtaggcgg tgctacagag ttcttgaagt ggtggcctaa ctacggctac 3120

40 actagaagga cagtatttgg tatctgcgct ctgctgaagc cagttacctt cggaaaaaga 3180

gttgtagct cttgatccgg caaacaacc accgctggta gcggtgggtt tttgtttgc 3240

45 aagcagcaga ttacgcgcag aaaaaagga tctcaagaag atcctttgat cttttctacg 3300

50 gggctctgacg ctcaagtggaa cgaaaactca cgtaaggga ttttggtcat gagattatca 3360

aaaaggatct tcacctagat ctttttaaataaaaaatgaa gttttaaatc aatctaaagt 3420

55 atatatgagt aaacttgggc tgacagttac caatgcttaa tcagtgggc acctatctca 3480

60 gcgatctgtc tatttcgttc atccatagtt gcctgactcc ccgtcgtgta gataactacg 3540

atacgggagg gcttaccatc tggccccagt gctgcaatga taccgcgaga cccacgctca 3600

65

# DE 102 19 203 A 1

ccggctccag atttatcagc aataaaccag ccagccggaa gggccgagcg cagaagtggg	3660	
cctgcaactt tatccgcctc catccagtct attaattgtt gccgggaagc tagagtaagt	3720	5
agttcgccag ttaatagttt gcgcaacggt gttgccattg ctacaggcat cgtgggtgtca	3780	
cgctcgtcgt ttggtatggc ttcattcagc tccggttccc aacgatcaag gcgagttaca	3840	10
tgatccccc a tgttggtgcaa aaaagcgggt agctccttcg gtctccgat cgttggtcaga	3900	15
agtaagttgg ccgcagtgtt atcactcatg gttatggcag cactgcataa ttctcttact	3960	
gtcatgccat ccgtaagatg cttttctgtg actggtgagt actcaaccaa gtcattctga	4020	20
gaatagtgt a tgcggcgacc gagttgctct tgcccggcgt caatacggga taataccgcg	4080	25
ccacatagca gaactttaaa agtgctcatc attggaaaac gttcttcggg gcgaaaactc	4140	
tcaaggatct taccgctgtt gagatccagt tcgatgtaac cactcgtgc acccaactga	4200	30
tcttcagcat cttttacttt caccagcgtt tctgggtgag caaaaacagg aaggcaaaat	4260	35
gccgcaaaaa agggaataag ggcgacacgg aaatgttgaa tactcatact cttccttttt	4320	
caatattatt gaagcattta tcagggttat tgtctcatga gcggatacat atttgaatgt	4380	40
atthagaaaa ataaacaaat aggggttccg cgcacatttc cccgaaaagt gccacctgac	4440	45
gtctaagaaa ccattattat catgacatta acctataaaa ataggcgtat caggaggccc	4500	
tttcgtc	4507	50
<210> 37		55
<211> 5410		
<212> DNA		
<213> Unknown		60
<220>		
<223> Sequenz stellt eine pflanzliche		65

# DE 102 19 203 A 1

Promotor-Terminator-Expressionskassette in Vektor  
pUC19 dar

5  
<400> 37  
ttttggaaat gatttgcacg gaagccatgt gtaaaaccat gacatccact tggaggatgc 60  
10  
aataatgaag aaaactacaa atttacatgc aactagttat gcatgtagtc tatataatga 120  
15  
ggattttgca atactttcat tcatacacac tcactaagtt ttacacgatt ataattttctt 180  
catagccagc ggatccgata tcgggccccg tagcggttaac cctgctttaa tgagatatgc 240  
20  
gagacgccta tgatcgcacg atatttgctt tcaattctgt tgtgcacggt gtaaaaaacc 300  
25  
tgagcatgtg tagctcagat ccttaccgcc ggtttcgggt cattctaata aatatatcac 360  
ccgttactat cgtattttta tgaataatat tctccgttca atttactgat tgtccgtcga 420  
30  
gcaaatttac acattgccac taaacgtcta aacccttgta atttgttttt gttttactat 480  
35  
gtgtgttatg tatttgattt gcgataaatt tttatatttg gtactaaatt tataaacacct 540  
tttatgctaa cgtttgccaa cacttagcaa ttgcaagtt gattaattga ttctaaatta 600  
40  
tttttgcttt ctaaatacat atactaatca actggaaatg taaatatttg ctaatatctc 660  
tactatagga gaattaaagt gagtgaatat ggtaccacaa ggtttggaga ttttaattggt 720  
45  
gcaatgctgc atggatggca tatacaccaa acattcaata attcttgagg ataataatgg 780  
50  
taccacacaa gatttgaggt gcatgaacgt cacgtggaca aaaggtttag taatttttca 840  
agacaacaat gttaccacac acaagttttg aggtgcatgc atggatgccc tgtggaaagt 900  
55  
ttaaaaatat ttggaatg atttgcacg aagccatgtg taaaaccatg acatccactt 960  
60  
ggaggatgca ataataaga aaactacaaa ttacatgca actagttatg catgtagtct 1020  
atataatgag gattttgcaa tactttcatt catacacact cactaagttt tacacgatta 1080  
65

# DE 102 19 203 A 1

taattttcttc atagccagca gatctgccgg catcgatccc gggccatggc ctgctttaat	1140	
gagatatgcg agacgcctat gatcgcatga tatttgcttt caattctgtt gtgcacgttg	1200	5
taaaaaacct gagcatgtgt agctcagatc cttaccgccg gtttcggttc attctaata	1260	
atatacacc cgttactatc gtatttttat gaataatatt ctccgttcaa tttactgatt	1320	10
gtccgtcgac gagctcggcg cgccaagctt ggcgtaatca tggcatagc tgtttctctgt	1380	15
gtgaaattgt tatccgctca caattccaca caacatacga gccggaagca taaagtgtaa	1440	
agcctggggt gcctaataag tgagctaact cacattaatt gcgttgcgct cactgcccgc	1500	20
tttccagtcg ggaaacctgt cgtgccagct gcattaatga atcggccaac gcgcggggag	1560	25
aggcggtttg cgtattgggc gctcttcgcg ttctctcgctc actgactcgc tgcgctcggt	1620	
cgttcggctg cggcgagcgg tatcagctca ctcaaaggcg gtaatacggg tatccacaga	1680	30
atcaggggat aacgcaggaa agaacatgtg agcaaaaggc cagcaaaagg ccaggaaccg	1740	35
taaaaaggcc gcgttgctgg cgtttttcca taggctccgc cccctgacg agcatcaca	1800	
aaatcgacgc tcaagtcaga ggtggcgaaa cccgacagga ctataaagat accaggcgtt	1860	40
tccccctgga agctccctcg tgcgctctcc tgttcgacc ctgccgctta ccggatacct	1920	45
gtccgccttt ctcccttcgg gaagcgtggc gctttctcat agctcacgct gtaggtatct	1980	
cagttcggtg taggtcgctc gctccaagct gggctgtgtg cacgaacccc ccgttcagcc	2040	50
cgaccgctgc gccttatccg gtaactatcg tcttgagtcc aaccggtaa gacacgactt	2100	55
atcgccactg gcagcagcca ctggtaacag gattagcaga gcgaggtatg taggcgggtg	2160	
tacagagttc ttgaagtggg ggcctaacta cggctacact agaaggacag tatttggtat	2220	60
ctgcgctctg ctgaagccag ttaccttcgg aaaagaggtt ggtagctctt gatccggcaa	2280	65

# DE 102 19 203 A 1

acaaaccacc gctggtagcg gtgggtttttt tgtttgcaag cagcagatta cgcgagaaa 2340  
 5 aaaaggatct caagaagatc ctttgcattt ttctacgggg tctgacgctc agtggaaacga 2400  
 aaactcacgt taagggaattt tggatcatgag attatcaaaa aggatcttca cctagatcct 2460  
 10 tttaaattaa aaatgaagtt ttaaataaat ctaaagtata tatgagtaaa cttgggtctga 2520  
 15 cagttaccaa tgcttaataca gtgaggcacc tatctcagcg atctgtctat ttcgttcac 2580  
 catagttgcc tgactccccg tegtgtagat aactacgata cgggagggct taccatctgg 2640  
 20 cccagtgct gcaatgatac cgcgagacc acgtcacccg gctccagatt tatcagcaat 2700  
 25 aaaccagcca gccggaaggg ccgagcgagc aagtggctct gcaactttat ccgcctccat 2760  
 ccagtctatt aattgttgcc gggaagctag agtaagtagt tcgccagtta atagtttgcg 2820  
 30 caacgttggt gccattgcta caggcatcgt ggtgtcacgc tcgtcgtttg gtatggcttc 2880  
 35 attcagctcc ggttcccaac gatcaaggcg agttacatga tccccatgt tgtgcaaaaa 2940  
 agcggttagc tccttcggtc ctccgatcgt tgtcagaagt aagtggccg cagtgttacc 3000  
 40 actcatgggt atggcagcac tgcataattc tcttactgtc atgccatccg taagatgctt 3060  
 45 ttctgtgact ggtgagtact caaccaagtc attctgagaa tagtgtatgc ggcgaccgag 3120  
 ttgctcttgc ccggcgtaaa tacgggataa taccgcgcca catagcagaa ctttaaaagt 3180  
 50 gctcatcatt ggaaaacgtt cttcggggcg aaaactctca aggatcttac cgctgttgag 3240  
 atccagttcg atgtaacca ctctgcacc caactgatct tcagcatctt ttactttcac 3300  
 55 cagcgtttct ggggtgagcaa aaacaggaag gcaaaatgcc gcaaaaaagg gaataagggc 3360  
 60 gacacggaaa tgttgaatac tcatactctt cttttttcaa tattattgaa gcatttatca 3420  
 65 gggttattgt ctcatgagcg gatacatatt tgaatgtatt tagaaaaata aacaaatagg 3480



# DE 102 19 203 A 1

ggttccgcg acatttcccc gaaaagtgcc acctgacgtc taagaaacca ttattatcat 3540  
 gacattaacc tataaaaata ggcgtatcac gaggcccttt cgtctcgcgc gtttcggtga 3600 5  
 tgacggtgaa aacctctgac acatgcagct cccggagacg gtcacagctt gtctgtaagc 3660  
 ggatgccggg agcagacaag cccgtcaggg cgcgtcagcg ggtgttggcg ggtgtcgggg 3720 10  
 ctggcttaac tatgcggcat cagagcagat tgtactgaga gtgcaccata tgcggtgtga 3780 15  
 aataccgcac agatgcgtaa ggagaaaata ccgcatcagg cgccattcgc cattcaggct 3840  
 gcgcaactgt tgggaagggc gatcgggtgcg ggcctcttcg ctattacgcc agctggcgaa 3900 20  
 agggggatgt gctgcaaggc gattaagttg ggtaacgccca gggttttccc agtcacgacg 3960 25  
 ttgtaaaacg acggccagtg aattcggcgc gccgagctcc tcgagcaaatt tacacattg 4020  
 ccactaaacg tctaaaccct tgtaatttgt ttttgtttta ctatgtgtgt tatgtatttg 4080 30  
 atttgcgata aatttttata tttggtacta aatttataac accttttatg ctaacgtttg 4140 35  
 ccaacactta gcaatttgca agttgattaa ttgattctaa attatttttg tcttctaaat 4200  
 acatatacta atcaactgga aatgtaaata tttgctaata tttctactat aggagaatta 4260 40  
 aagtgagtga atatggtacc acaaggtttg gagatttaatt tgttgcaatg ctgcatggat 4320 45  
 ggcatataca ccaaacattc aataattctt gaggataata atggtaccac acaagatttg 4380  
 aggtgcatga acgtcacgtg gacaaaaggt ttagtaattt ttcaagacaa caatgttacc 4440 50  
 acacacaagt tttgaggtgc atgcatggat gccctgtgga aagtttaaaa atattttgga 4500 55  
 aatgatttgc atggaagcca tgtgtaaaac catgacatcc acttgaggga tgcaataatg 4560  
 aagaaaacta caaatttaca tgcaactagt tatgcatgta gtctatataa tgaggatttt 4620 60  
 gcaatacttt cattcataca cactcactaa gttttacacg attataattt cttcatagcc 4680 65

# DE 102 19 203 A 1

agcccaccgc ggtgggcggc cgctgcagt ctagaaggcc tcctgcttta atgagatatg 4740  
 5 cgagacgcct atgatcgcat gatatttget ttcaattctg ttgtgcacgt tgtaaaaaac 4800  
 ctgagcatgt gtagctcaga tccttaccgc cggtttcggt tcatttcta ataatatatca 4860  
 10 cccgttacta tcgtattttt atgaataata ttctccgttc aatttactga ttgtccgtcg 4920  
 15 agcaaattta cacattgcc acaaacgtct aaacccttgt aatttgtttt tgttttacta 4980  
 tgtgtgttat gtatttgatt tgcgataaat ttttatattt ggtactaaat ttataacacc 5040  
 20 ttttatgcta acgtttgcc acacttagca atttgcaagt tgattaattg attctaaatt 5100  
 atttttgtct tctaaatata tataactaatc aactggaaat gtaaataatt gctaataatt 5160  
 25 ctactatagg agaattaaag tgagtgaata tgggtaccaca aggtttggag atttaattgt 5220  
 30 tgcaatgctg catggatggc atatacacca aacattcaat aattcttgag gataataatg 5280  
 gtaccacaca agatttgagg tgcatagaacg tcacgtggac aaaagggtta gtaatttttc 5340  
 35 aagacaacaa tgttaccaca cacaagtttt gaggtgcatg catggatgcc ctgtggaaag 5400  
 40 tttaaaaata 5410  
 45 <210> 38  
 <211> 12093  
 <212> DNA  
 50 <213> Unknown  
 <220>  
 55 <223> pflanzlicher Expressionsvektor mit einer  
 Promotor-Terminator-Expressionskassette  
 60 <400> 38  
 gatctggcgc cggccagcga gacgagcaag attggccgcc gcccgaaacg atccgacagc 60  
 65 gcgcccagca caggtgcgca ggcaaattgc accaacgcat acagcgccag cagaatgcc 120

# DE 102 19 203 A 1

tagtgggagg tgacgtcggt cgagtgaacc agatcgcgca ggaggcccg cagcaccggc	180	
ataatcaggc cgatgccgac agcgtcgagc gcgacagtgc tcagaattac gatcaggggt	240	5
atgttgggtt tcacgtctgg cctccggacc agcctccgct ggtccgattg aacgcgcgga	300	
ttctttatca ctgataagtt ggtggacata ttatgtttat cagtgataaa gtgtcaagca	360	10
tgacaaagtt gcagccgaat acagtgatcc gtgccgcctt ggacctgttg aacgaggtcg	420	15
gcgtagacgg tctgacgaca cgcaaactgg cggaacggtt gggggttcag cagccggcgc	480	
tttactggca cttcaggaac aagcggggcg tgctcgacgc actggccgaa gccatgctgg	540	20
cggagaatca tacgcattcg gtgccgagag ccgacgacga ctggcgctca tttctgatcg	600	25
ggaatgcccg cagcttcagg caggcgctgc tcgcctaccg cgatggcgcg cgcattccatg	660	
ccggcacgcg accggggcgca ccgcagatgg aaacggccga cgcgcagctt cgcttcctct	720	30
gcgaggcggg tttttcggcc ggggacgccg tcaatgcgct gatgacaatc agctacttca	780	35
ctgttggggc cgtgcttgag gagcaggccg gcgacagcga tgccggcgag cgcggcggca	840	
ccgttgaaca ggctccgctc tcgccgctgt tgccggccgc gatagacgcc ttcgacgaag	900	40
ccggtccgga cgcagcgctt gagcaggggac tcgccgtgat tgtcgatgga ttggcgaaaa	960	45
ggaggctcgt tgtcaggaac gttgaaggac cgagaaaggg tgacgattga tcaggaccgc	1020	
tgccggagcg caaccactc actacagcag agccatgtag acaacatccc ctcccccttt	1080	50
ccaccgcgtc agacgcccggt agcagcccgc tacgggcttt ttcattgcct gccctagcgt	1140	55
ccaagcctca cggccgcgct cggcctctct ggccggcctt tggcgctctt ccgcttcctc	1200	
gctcactgac tcgctgcgct cggtcgttcg gctgcggcga gcggtatcag ctactcaaa	1260	60
ggcggtaata cggttatcca cagaatcagg ggataacgca ggaaagaaca tgtgagcaaa	1320	65

# DE 102 19 203 A 1

aggccagcaa aaggccagga accgtaaaaa ggccgcgttg ctggcgtttt tccataggct 1380  
 5 ccgccccct gacgagcatc acaaaaatcg acgtcaagt cagaggtggc gaaacccgac 1440  
 aggactataa agataccagg cgtttcccc tggaagctcc ctctgctgct ctctgttcc 1500  
 10 gaccctgccg cttaccggat acctgtccgc ctttctccct tcgggaagcg tggcgctttt 1560  
 15 ccgctgcata acctgtctc ggggtcatta tagcgatttt ttcggtatat ccatcctttt 1620  
 tcgcacgata tacaggattt tgccaaaggg ttcgtgtaga ctttccttgg tgtatccaac 1680  
 20 ggcgtcagcc gggcaggata ggtgaagtag gccacccgc gagcgggtgt tccttcttca 1740  
 25 ctgtccctta ttgcacctg gcggtgctca acgggaatcc tgctctgca ggctggccgg 1800  
 ctaccgccgg cgtaacagat gagggcaagc ggatggctga tgaaaccaag ccaaccagga 1860  
 30 agggcagccc acctatcaag gtgtactgcc ttccagacga acgaagagcg attgaggaaa 1920  
 35 agggggcggc ggccggcatg agcctgtcgg cctacctgct ggccgtcggc cagggtaca 1980  
 aaatcacggg cgtcgtggac tatgagcacg tccgcgagct ggccgcac c aatggcgacc 2040  
 40 tgggccgcct gggcggcctg ctgaaactct ggctaccga cgaccgcgc acggcgcggt 2100  
 45 tcggtgatgc cacgatctc gccctgctgg cgaagatcga agagaagcag gacgagcttg 2160  
 gcaaggtcat gatggcgctg gtccgccga gggcagagcc atgacttttt tagccgctaa 2220  
 50 aacggccggg ggggtgcgct gattgccaag cacgtccca tgcgtccat caagaagagc 2280  
 gacttcgagg agctggtgaa gtacatcacc gacgagcaag gcaagaccga gcgcctttgc 2340  
 55 gacgtcacc gggctggttg ccctcgccgc tgggctggcg gccgtctatg gccctgcaaa 2400  
 60 cgcgccagaa acgccgtcga agcgtgtgc gagacaccgc ggccgccggc gttgtggata 2460  
 65 cctcgcgga aacttgccc tcaactgacag atgaggggag gacgttgaca cttgaggggc 2520

# DE 102 19 203 A 1

cgactcacc ggcgcggcgt tgacagatga ggggcaggct cgatttcggc cggcgacgtg 2580

gagctggcca gcctcgcaaa tcggcgaaaa cgcttgattt tacgcgagtt tcccacagat 2640 5

gatgtggaca agcctgggga taagtgcctt gcggtattga cacttgaggg gcgcgactac 2700

tgacagatga, ggggcgcgat ccttgacact tgaggggcag agtgctgaca gatgaggggc 2760 10

gcacctattg acatttgagg ggctgtccac aggcagaaaa tccagcattt gcaagggttt 2820 15

ccgcccgttt ttggccacc gctaacctgt cttttaacct gcttttaaac caatatttat 2880

aaaccttgtt ttaaccagg gctgcgcctt gtgcgcgtga ccgcgcacgc cgaagggggg 2940 20

tgccccctt tctgaaccc tcccggcccg ctaacgcggg cctcccatcc cccaggggc 3000 25

tgccccctc ggcgcgaac ggctcacc caaaaatggc agcgtggca gtccttgcca 3060

ttgcgggat cggggcagta acgggatggg cgatcagccc gagcgcgacg cccggaagca 3120 30

ttgacgtgcc gcaggtgctg gcatcgacat tcagcgacca ggtgccgggc agtgagggcg 3180 35

gcggcctggg tggcggcctg cccttcactt cggccgtcgg ggcatcacg gacttcattg 3240

cggggccggc aatttttacc ttgggcattc ttggcatagt ggtcgcgggt gccgtgctcg 3300 40

tgttcggggg tgcgataaac ccagcgaacc atttgaggtg ataggtaaga ttataccgag 3360 45

gtatgaaaac gagaattgga cctttacaga attactctat gaagcgccat atttaaaaag 3420

ctaccaagac gaagaggatg aagaggatga ggaggcagat tgccttgaat atattgacaa 3480 50

tactgataag ataatatatc ttttatatag aagatatcgc cgtatgtaag gatttcaggg 3540 55

ggcaaggcat aggcagcgcg cttatcaata tatctataga atgggcaaag cataaaaact 3600

tgcatggact aatgcttgaa acccaggaca ataaccttat agcttgtaaa ttctatcata 3660 60

attgggtaat gactccaact tattgatagt gttttatgtt cagataatgc ccgatgactt 3720 65

# DE 102 19 203 A 1

tgtcatgcag ctccaccgat tttgagaacg acagcgactt ccgtcccagc cgtgccaggt 3780  
 5 gctgcctcag attcagggtta tgccgctcaa ttcgctgcgt atatcgcttg ctgattacgt 3840  
 gcagctttcc cttcaggcgg gattcataca gcgccagcc atccgtcatc catatcacca 3900  
 10 cgtcaaaggg tgacagcagg ctcataagac gccccagcgt cgccatagtg cgttcaccga 3960  
 15 atacgtgcgc aacaaccgtc ttccggagac tgtcatacgc gtaaaacagc cagcgctggc 4020  
 gcgatttagc cccgacatag cccactgtt cgtccatttc cgcgcagacg atgacgtcac 4080  
 20 tgcccggctg tatgcgcgag gttaccgact gcggcctgag ttttttaagt gacgtaaaat 4140  
 25 cgtgttgagg ccaacgceca taatgcgggc tgttgcccgg catccaacgc cattcatggc 4200  
 catatcaatg attttctggt gcgtaccggg ttgagaagcg gtgtaagtga actgcagttg 4260  
 30 ccatgtttta cggcagtgag agcagagata gcgctgatgt ccggcgggtgc ttttgccgtt 4320  
 35 acgcaccacc ccgtcagtag ctgaacagga gggacagctg atagacacag aagccactgg 4380  
 agcacctcaa aaacaccatc atactactaa tcagtaagtt ggcagcatca ccataattg 4440  
 40 tggtttcaaa atcggctccg tcgatactat gttatacgcc aactttgaaa acaactttga 4500  
 45 aaaagctggt ttctgggtatt taagggttta gaatgcaagg aacagtgaat tggagttcgt 4560  
 cttgttataa ttagcttctt ggggtatctt taaatactgt agaaaagagg aaggaaataa 4620  
 50 taaatggcta aaatgagaat atcaccggaa ttgaaaaaac tgatcgaaaa ataccgctgc 4680  
 55 gtaaaagata cggaaggaat gtctcctgct aagggtatata agctggtggg agaaaatgaa 4740  
 aacctatatt taaaaatgac ggacagccgg tataaaggga ccacctatga tgtggaacgg 4800  
 60 gaaaaggaca tgatgctatg gctggaagga aagctgcctg ttccaaaggt cctgcacttt 4860  
 65 gaacggcatg atggctggag caatctgctc atgagtgagg ccgatggcgt cctttgctcg 4920

# DE 102 19 203 A 1

gaagagtatg aagatgaaca aagccctgaa aagattatcg agctgtatgc ggagtgcac 4980	
aggctctttc actccatcga catatcggat tgtccctata cgaatagctt agacagccgc 5040	5
ttagccgaat tggattactt actgaataac gatctggccg atgtggattg cgaaaactgg 5100	10
gaagaagaca ctccatttaa agatccgcgc gagctgtatg attttttaa gacggaaaag 5160	
cccgaagagg aacttgtctt ttcccacggc gacctgggag acagcaacat ctttgtgaaa 5220	15
gatggcaaag taagtggctt tattgatctt gggagaagcg gcagggcgga caagtgggtat 5280	
gacattgcct tctgcgtccg gtcgatcagg gaggatatcg gggaagaaca gtatgtcgag 5340	20
ctatTTTTTg acttactggg gatcaagcct gattgggaga aaataaaata ttatatttta 5400	25
ctggatgaat tgttttagta cctagatgtg gcgcaacgat gccggcgaca agcaggagcg 5460	
caccgacttc ttccgcatca agtgTTTTg ctctcaggcc gagggccacg gcaagtattt 5520	30
gggcaagggg tcgctgggtat tcgtgcaggg caagattcgg aataccaagt acgagaagga 5580	35
cggccagacg gtctacggga ccgacttcat tgccgataag gtggattatc tggacaccaa 5640	
ggcaccaggc gggTcaaTc aggaataagg gcacattgcc ccggcgtgag tcggggcaat 5700	40
cccgcaagga gggTgaatga atcggacgtt tgaccggaag gcatacaggc aagaactgat 5760	45
cgacgcgggg ttttccgccg aggatgccga aaccatcgca agccgcaccg tcatgcgtgc 5820	
gccccgcgaa accttccagt ccgtcggctc gatggTccag caagctacgg ccaagatcga 5880	50
gcgcgacagc gtgcaactgg ctccccctgc cctgccccgc ccatcggccg ccgtggagcg 5940	55
ttcgcgtcgt ctgaaacagg agggcgcagg tttggcgaag tcgatgacca tcgacacgcg 6000	
aggaactatg acgaccaaga agcgaaaaac cgccggcgag gacctggcaa aacaggtcag 6060	60
cgaggccaag caggccgcgt tgctgaaaca cacgaagcag cagatcaagg aatgcagct 6120	65

# DE 102 19 203 A 1

ttccttggtc gatattgcgc cgtggccgga cactgatgca gcgatgccaa acgacacggc 6180  
 5 ccgctctgcc ctgttcacca cgcgcaacaa gaaaatcccg cgcgaggcgc tgcaaaacaa 6240  
 ggtcattttc cacgtcaaca aggacgtgaa gatcacctac accggcgctc agctgcgggc 6300  
 10 cgacgatgac gaactggtgt ggcagcaggt gttggagtac gcgaagcgca cccctatcgg 6360  
 15 cgagccgac accttcacgt tctacgagct ttgccaggac ctgggctggt cgatcaatgg 6420  
 ccggtattac acgaaggccg aggaatgcct gtcgcgcta caggcgacgg cgatgggctt 6480  
 20 cacgtccgac cgcgttgggc acctggaatc ggtgtcgctg ctgcaccgct tccgcgtcct 6540  
 ggaccgtggc aagaaaacgt cccgttgcca ggtcctgac gacgaggaaa tcgtcgtgct 6600  
 25 gtttgctggc gaccactaca cgaaattcat atgggagaag taccgcaagc tgtcgccgac 6660  
 30 ggcccagcgg atgttcgact atttcagctc gcaccgggag ccgtaccgc tcaagctgga 6720  
 35 aaccttcgc ctcatgtgcg gatcggattc caccgcgtg aagaagtggc gcgagcaggt 6780  
 cggcgaagcc tgcgaagagt tgcgaggcag cggcctggtg gaacacgcct ggtcaatga 6840  
 40 tgacctggtg cattgcaaac gctagggcct tgtggggtca gttccggctg ggggttcagc 6900  
 45 agccagcgtt ttactggcat ttcaggaaca agcgggcact gtcgacgca cttgcttcgc 6960  
 tcagtatcgc tcgggacgca cggcgcgtc tacgaactgc cgataaacag aggattaaaa 7020  
 50 ttgacaattg tgattaaggc tcagattcga cggcttgag cggccgacgt gcaggatttc 7080  
 55 cgcgagatcc gattgtcggc cctgaagaaa gctccagaga tggtcgggtc cgtttacgag 7140  
 cactaggaga aaaagcccat ggaggcgttc gctgaacggt tgcgagatgc cgtggcattc 7200  
 60 ggcgctaca tcgacggcga gatcattggg ctgtcgttct tcaaacagga ggacggcccc 7260  
 aaggacgctc acaaggcgca tctgtccggc gtttctgtg agcccgaaca gcgaggccga 7320  
 65



# DE 102 19 203 A 1

ggggtcgccg gtatgctgct gcgggcggtg ccggcggggt tattgctcgt gatgatcgtc 7380  
 cgacagattc caacgggaat ctggtggatg cgcattctca tctcggcgcc acttaatat 7440 5  
 tcgctattct ggagcttggt gtttatttcg gtctaccgcc tgccggggcg ggctcgccgcg 7500 10  
 acggtaggcg ctgtgcagcc gctgatggtc gtgttcattc ctgccgtctc gctaggtagc 7560  
 ccgatacgat tgatggcggt cctgggggct atttgcgga ctgcgggcgt ggcgctgttg 7620 15  
 gtgttgacac caaacgcagc gctagatcct gtcggcgctc cagcgggcct ggccggggcg 7680  
 gtttccatgg cgttcggaac cgtgctgacc cgcaagtggc aacctccgt gcctctgctc 7740 20  
 acctttaccg cctggcaact ggccggccga ggacttctgc tcgttccagt agcttttagtg 7800 25  
 tttgatccgc caatcccgat gcctacagga accaatgttc tcggcctggc gtggctcggc 7860  
 ctgatcggag cgggtttaac ctacttctt tggttcggg ggatctcgc actcgaacct 7920 30  
 acagttgtt ccttactggg ctttctcagc ccagatctg gggtcgatca gccggggatg 7980 35  
 catcaggccg acagtcggaa cttcgggtcc ccgacctga ccattcgggt agcaatggat 8040  
 aggggagttg atatcgtaaa cgttcacttc taaagaaata gcgccactca gcttctcag 8100 40  
 cggctttatc cagcgatttc ctattatgtc ggcatagttc tcaagatcga cagcctgtca 8160 45  
 cggttaagcg agaaatgaat aagaaggctg ataattcgga tctctgcgag ggagatgata 8220  
 tttgatcaca ggcagcaacg ctctgtcatc gttacaatca acatgctacc ctccgcgaga 8280 50  
 tcatccgtgt ttcaaaccgc gcagcttagt tgccgttctt ccgaatagca tcggtaacat 8340 55  
 gagcaaagtc tgccgcctta caacggctct cccgctgacg ccgtcccga ctgatgggct 8400  
 gcctgtatcg agtggtgatt ttgtgccgag ctgccggctc gggagctgtt ggctggctgg 8460 60  
 tggcaggata tattgtggtg taaacaaatt gacgcttaga caacttaata acacattgcg 8520 65

# DE 102 19 203 A 1

gacgttttta atgtactggg gtgggttttc ttttcaccag tgagacgggc aacagctgat 8580  
 5 tgcctttcac cgcctggccc tgagagagtt gcagcaagcg gtccacgctg gtttgcccca 8640  
 gcaggcgaaa atcctgtttg atggtgggtc cgaaatcggc aaaatccctt ataatcaaaa 8700  
 10 agaatagccc gagatagggg tgagtgttgt tccagtttgg aacaagagtc cactattaaa 8760  
 15 gaacgtggac tccaacgtca aaggcgaaa aaccgtctat cagggcgatg gccactacg 8820  
 tgaaccatca cccaaatcaa gttttttggg gtcgaggtgc cgtaaagcac taaatcggaa 8880  
 20 ccctaaaggg agccccgat ttagagcttg acggggaaag ccggcgaacg tggcgagaaa 8940  
 25 ggaagggaag aaagcgaaag gagcggggcg cattcaggct gcgcaactgt tgggaagggc 9000  
 gatcgggtcg ggctcttcg ctattacgcc agctggcgaa agggggatgt gctgcaaggc 9060  
 30 gattaagttg ggtaacgcca gggttttccc agtcacgacg ttgtaaaacg acggccagtg 9120  
 35 aattaattcc catcttgaaa gaaatatagt ttaaattttt attgataaaa taacaagtca 9180  
 ggtattatag tccaagcaaa aacataaatt tattgatgca agtttaaatt cagaaatatt 9240  
 40 tcaataactg attatatcag ctggtacatt gccgtagatg aaagactgag tgcgatatta 9300  
 45 tgtgtaatac ataaattgat gatatagcta gcttagctca tcgggggatc cgtcgaagct 9360  
 agcttgggtc ccgctcagaa gaactcgtca agaaggcgat agaaggcgat gcgctgcgaa 9420  
 50 tcgggagcgg cgataccgta aagcacgagg aagcggtcag cccattcgcc gccaaagtct 9480  
 55 tcagcaatat cacgggtagc caacgctatg tcctgatagc ggtccgccac accagcccg 9540  
 ccacagtcga tgaatccaga aaagcggcca tttccacca tgatattcgg caagcaggca 9600  
 60 tcgccatggg tcacgacgag atcctcgccg tcgggcatgc gcgccttgag cctggcgaac 9660  
 65 agttcggctg gcgcgagccc ctgatgctct tcgtccagat catcctgatc gacaagaccg 9720

# DE 102 19 203 A 1

gcttccatcc gagtacgtgc tcgctcgatg cgatgtttcg cttggtgggc gaatgggcag 9780

gtagccggat caagcgtatg cagccgccgc attgcatcag ccatgatgga tactttctcg 9840 5

gcaggagcaa ggtgagatga caggagatcc tgccccggca cttcgcccaa tagcagccag 9900

tcccttcccg cttcagtgac aacgtcgagc acagctgcgc aaggaacgcc cgtcgtggcc 9960 10

agccacgata gccgcgctgc ctcgtcctgc agttcattca gggcaccgga caggtcgggc 10020 15

ttgacaaaaa gaaccgggcg cccctgcgct gacagccgga acacggcggc atcagagcag 10080

ccgattgtct gttgtgcca gtcatagccg aatagcctct ccaccaagc ggccggagaa 10140 20

cctgcgtgca atccatcttg ttcaatccaa gctcccatgg gccctcgact agagtcgaga 10200 25

tctggattga gagtgaatat gagactctaa ttggataccg aggggaattt atggaacgtc 10260

agtggagcat ttttgacaag aaatatttgc tagctgatag tgaccttagg cgacttttga 10320 30

acgcgcaata atggtttctg acgtatgtgc ttagctcatt aaactccaga aaccgcgggc 10380 35

tgagtggctc cttcaacgtt gcggttctgt cagttccaaa cgtaaacggc cttgtcccg 10440

gtcatcggcg ggggtcataa cgtgactccc ttaattctcc gtcatgatc ttgatccct 10500 40

gcgccatcag atccttggcg gcaagaaagc catccagttt actttgcagg gcttcccaac 10560 45

cttaccagag ggcgccccag ctggcaattc cggttcgctt gctgtccata aaaccgcca 10620

gtctagctat cgccatgtaa gccactgca agctacctgc tttctcttg cgcttgcggt 10680 50

ttccttgtc cagatagccc agtagctgac attcatccgg ggtcagcacc gtttctgagg 10740 55

actggcttcc tacgtgttcc gcttccttta gcagcccttg cgccctgagt gcttgcgga 10800

gcgtgaagct tgcatgcctg caggtcgacg gcgcgccgag ctctcgagc aaatttacac 10860 60

attgccacta aacgtctaaa cccttgtaat ttgttttgt tttactatgt gtgttatgta 10920 65

# DE 102 19 203 A 1

tttgatttgc gataaatttt tatatttggg actaaattta taacaccttt tatgctaacg 10980  
 5 tttgccaaca cttagcaatt tgcaagttga ttaattgatt ctaaattatt tttgtcttct 11040  
 aaatacatat actaatcaac tggaaatgta aatatttgct aatatttcta ctataggaga 11100  
 10 attaaagtga gtgaatatgg taccacaagg tttggagatt taattgttgc aatgctgcat 11160  
 15 ggatggcata tacaccaaac attcaataat tcttgaggat aataatggta ccacacaaga 11220  
 tttgaggtgc atgaacgtca cgtggacaaa aggttttagta atttttcaag acaacaatgt 11280  
 20 taccacacac aagttttgag gtgcatgcat ggatgccctg tggaaagttt aaaaatattt 11340  
 25 tggaaatgat ttgcatggaa gccatgtgta aaaccatgac atccacttgg aggatgcaat 11400  
 aatgaagaaa actacaaatt tacatgcaac tagttatgca tgtagtctat ataatgagga 11460  
 30 ttttgaata ctttcattca tacacactca ctaagtttta cacgattata atttcttcat 11520  
 35 agccagccca ccgcggtggg cgccgcctg cagtctagaa ggcctcctgc tttaatgaga 11580  
 tatgcgagac gcctatgatc gcatgatatt tgctttcaat tctgttgtgc acgttgtaaa 11640  
 40 aaacctgagc atgtgtagct cagatcctta ccgcggttt cggttcattc taatgaatat 11700  
 45 atcacccgtt actatcgtat ttttatgaat aatattctcc gttcaattta ctgattgtcc 11760  
 gtcgacgaat tcgagctcgg cgcgcctcta gaggatcgaat gaattcagat cggctgagtg 11820  
 50 gctccttcaa cgttgcggtt ctgtcagttc caaacgtaaa acggcttgtc ccgcgtcatc 11880  
 55 ggccgggggtc ataacgtgac tcccttaatt ctccgctcat gatcagattg tcgtttcccg 11940  
 ccttcagttt aaactatcag tgtttgacag gatatttgg cgggtaaacc taagagaaaa 12000  
 60 gagcgtttat tagaataatc ggatatttaa aagggcgtga aaaggtttat ccttcgtcca 12060  
 65 tttgtatgtg catgccaacc acagggttcc cca 12093

# DE 102 19 203 A 1

<210> 39

<211> 12085

<212> DNA

<213> Unknown

<220>

<223> pflanzlicher Expressionsvektor mit einer  
Promotor-Terminator-Expressionskassette

<400> 39

gatctggcgc cggccagcga gacgagcaag attggccgcc gcccgaaacg atccgacagc 60  
gcgcccagca caggtgcgca ggcaaattgc accaacgcac acagcgccag cagaatgccca 120  
tagtggggcgg tgacgtcggt cgagtgaacc agatcgcgca ggaggcccg cagcaccggc 180  
ataatcaggc cgatgccgac agcgtcgagc gcgacagtgc tcagaattac gatcaggggt 240  
atgttgggtt tcacgtctgg cctccggacc agcctccgct ggtccgattg aacgcgcgga 300  
ttctttatca ctgataagtt ggtggacata ttatgtttat cagtgataaa gtgtcaagca 360  
tgacaaagtt gcagccgaat acagtgatcc gtgccgcctt ggacctgttg aacgaggtcg 420  
gcgtagacgg tctgacgaca cgcaaactgg cggaacggtt ggggggttcag cagccggcgc 480  
tttactggca cttcaggaac aagcgggcgc tgctcgagc actggccgaa gccatgctgg 540  
cggagaatca tacgcattcg gtgccgagag ccgacgacga ctggcgctca tttctgatcg 600  
ggaatgcccg cagcttcagg caggcgctgc tcgcctaccg cgatggcgcg cgcattccatg 660  
ccggcacgcg accggggcgca ccgcagatgg aaacggccga cgcgcagctt cgttccctct 720  
gcgaggcggg tttttcggcc ggggacgccg tcaatgcgct gatgacaatc agctacttca 780  
ctgttggggc cgtgcttgag gagcaggccg gcgacagcga tgccggcgag cgcggcggca 840

# DE 102 19 203 A 1

ccggttgaaca ggctccgctc tcgccgctgt tgcggggccgc gatagacgcc ttcgacgaag 900  
 5 ccggtccgga cgcagcgttc gagcagggac tcgcggtgat tgtcgatgga ttggcgaaaa 960  
 ggaggctcgt tgtcaggaac gttgaaggac cgagaaaggg tgacgattga tcaggaccgc 1020  
 10 tgccggagcg caaccactc actacagcag agccatgtag acaacatccc ctcccccttt 1080  
 15 ccaccgcgtc agacgcccggt agcagcccgc tacgggcttt ttcatgccct gccctagcgt 1140  
 ccaagcctca cggccgcgct cggcctctct ggccggccttc tggcgctctt ccgcttcctc 1200  
 20 gctcactgac tcgctgcgct cggtcggttcg gctgcggcga gcggtatcag ctactcaaa 1260  
 25 ggcggttaata cggttatcca cagaatcagg ggataacgca ggaaagaaca tgtgagcaaa 1320  
 aggccagcaa aaggccagga accgtaaaaa ggccgcggtg ctggcgtttt tccataggct 1380  
 30 ccgccccct gacgagcatc aaaaaatcg acgctcaagt cagaggtggc gaaacccgac 1440  
 35 aggactataa agataccagg cgtttcccc tggaagctcc ctctgctgct ctctgttcc 1500  
 gaccctgccg cttaccggat acctgtccgc ctttctcct tcgggaagcg tggcgctttt 1560  
 40 ccgctgcata acctgcttc ggggtcatta tagcgatttt ttcggtatat ccatcctttt 1620  
 45 tcgcacgata tacaggattt tgccaaaggg ttcgtgtaga ctttccttgg tgtatccaac 1680  
 ggcgtcagcc gggcaggata ggtgaagtag gccacccgc gagcgggtgt tccttcttca 1740  
 50 ctgtccctta ttcgcacctg gcggtgctca acgggaatcc tgctctgcga ggctggccgg 1800  
 ctaccgccgg cgtaacagat gagggcaagc ggatggctga tgaaaccaag ccaaccagga 1860  
 55 agggcagccc acctatcaag gtgtactgcc ttccagacga acgaagagcg attgaggaaa 1920  
 60 aggcggcggc ggccggcatg agcctgtcgg cctacctgct ggccgtcggc cagggetaca 1980  
 65 aaatcacggg cgtcgtggac tatgagcacg tccgcgagct ggcccgcatc aatggcgacc 2040

# DE 102 19 203 A 1

tgggccgcct gggcggcctg ctgaaactct ggctcaccga cgaccgcgc acggcgcggt 2100  
 tcggtgatgc cagcatcctc gccctgctgg cgaagatcga agagaagcag gacgagcttg 2160 5  
 gcaaggatcat gatgggcgtg gtccgcccga gggcagagcc atgacttttt tagccgctaa 2220  
 aacggccggg ggggtgcgct gattgccaaag cacgtcccca tgcgctccat caagaagagc 2280 10  
 gacttcgcgg agctggtgaa gtacatcacc gacgagcaag gcaagaccga ggccttttgc 2340 15  
 gacgctcacc gggctggttg cctcgcgcgc tgggctggcg gccgtctatg gccctgcaaa 2400  
 cgccccagaa acgccgtcga agccgtgtgc gagacaccgc ggccgcccgc gttgtggata 2460 20  
 cctcgcggaa aacttgcccc tcaactgacag atgaggggcg gacgttgaca cttgaggggc 2520 25  
 cgactcacc ggcgcggcgt tgacagatga ggggcaggct cgatttcggc cggcgacgtg 2580  
 gagctggcca gcctcgcaaa tcggcgaaaa cgcttgattt tacgcgagtt tcccacagat 2640 30  
 gatgtggaca agcctgggga taagtgcct gcggtattga cacttgaggg gcgcgactac 2700 35  
 tgacagatga ggggcgcgat ccttgacact tgaggggcag agtgctgaca gatgaggggc 2760  
 gcacctattg acatttgagg ggctgtccac aggcagaaaa tccagcattt gcaagggttt 2820 40  
 ccgcccgttt ttggccacc gctaacctgt cttttaacct gcttttaaac caatatttat 2880 45  
 aaaccttggt ttaaccagg gctgcgcct gtgcgcgtga ccgcgcacgc cgaagggggg 2940  
 tgccccccct tctcgaacc tcccggccc ctaacgcggg cctcccatcc cccaggggc 3000 50  
 tgcgcccctc ggccgcgaac ggctcacc caaaaatggc agcgctggca gtccttgcca 3060 55  
 ttgccgggat cggggcagta acgggatggg cgatcagccc gagcgcgacg cccggaagca 3120  
 ttgacgtgcc gcaggtgctg gcatcgacat tcagcgacca ggtgccgggc agtgagggcg 3180 60  
 gcggcctggg tggcggcctg cccttcactt cggccgtcgg ggcattcacg gacttcattg 3240 65

# DE 102 19 203 A 1

cggggccggc aatttttacc ttgggcattc ttggcatagt ggtcgcgggt gccgtgctcg 3300  
 5 tgttcggggg tgcgataaac ccagcgaacc atttgaggtg ataggtaaga ttataccgag 3360  
 gtatgaaaac gagaattgga cctttacaga attactctat gaagcgccat atttaaaaag 3420  
 10 ctaccaagac gaagaggatg aagaggatga ggaggcagat tgccttgaat atattgacaa 3480  
 15 tactgataag ataatatatc ttttatatag aagatatcgc cgtatgtaag gatttcaggg 3540  
 ggcaaggcat aggcagcgcg cttatcaata tatctataga atgggcaaag cataaaaact 3600  
 20 tgcattggact aatgcttgaa acccaggaca ataaccttat agcttgtaaa ttctatcata 3660  
 25 attgggtaat gactccaact tattgatagt gttttatgtt cagataatgc ccgatgactt 3720  
 tgtcatgcag ctccaccgat tttgagaacg acagcgactt ccgtcccagc cgtgccaggt 3780  
 30 gctgcctcag attcaggtta tgccgctcaa ttcgctgcgt atatcgcttg ctgattacgt 3840  
 35 gcagctttcc cttcaggcgg gattcatata gcggccagcc atccgtcatc catatcacca 3900  
 cgtcaaaggg tgacagcagg ctcataagac gcccagcgt cgccatagtg cgttcaccga 3960  
 40 atacgtgcgc aacaaccgtc ttccggagac tgtcatacgc gtaaaacagc cagcgctggc 4020  
 45 gcgatttagc cccgacatag cccactggt cgtccatttc cgcgcagacg atgacgtcac 4080  
 tgcccggtg tatgcgcgag gttaccgact gcggcctgag ttttttaagt gacgtaaaat 4140  
 50 cgtgttgagg ccaacgcca taatgcgggc tgttgccgg catccaacgc cattcatggc 4200  
 55 catatcaatg attttctggt gcgtaccggg ttgagaagcg gtgtaagtga actgcagttg 4260  
 ccatgtttta cggcagtgag agcagagata gcgctgatgt ccggcggtgc ttttgccgtt 4320  
 60 acgcaccacc ccgtcagtag ctgaacagga gggacagctg atagacacag aagccactgg 4380  
 65 agcacctcaa aaacaccatc atacactaaa tcagtaagtt ggcagcatca ccataattg 4440



# DE 102 19 203 A 1

tggtttcaaa atcggctccg tcgatactat gttatacgcc aactttgaaa acaactttga	4500	
aaaagctggt ttctgggtatt taagggttta gaatgcaagg aacagtgaat tggagttcgt	4560	5
cttgttataa ttagcttctt ggggtatctt taaatactgt agaaaagagg aaggaaataa	4620	
taaatggcta aaatgagaat atcaccggaa ttgaaaaaac tgatcgaaaa ataccgctgc	4680	10
gtaaaagata cggaaggaat gtctcctgct aagggtatata agctgggtggg agaaaatgaa	4740	15
aacctatatt taaaaatgac ggacagccgg tataaaggga ccacctatga tgtggaacgg	4800	
gaaaaggaca tgatgctatg gctggaagga aagctgcctg ttccaaaggt cctgcacttt	4860	20
gaacggcatg atggctggag caatctgctc atgagtgagg ccgatggcgt cctttgctcg	4920	25
gaagagtatg aagatgaaca aagccctgaa aagattatcg agctgtatgc ggagtgcac	4980	
aggctctttc actccatcga catatcggat tgtccctata cgaatagctt agacagccgc	5040	30
ttagccgaat tggattactt actgaataac gatctggccg atgtggattg cgaaaactgg	5100	35
gaagaagaca ctccatttaa agatccgcgc gagctgtatg attttttaaa gacggaaaag	5160	
cccgaagagg aacttgtctt ttcccacggc gacctgggag acagcaacat ctttgtgaaa	5220	40
gatggcaaag taagtggctt tattgatctt gggagaagcg gcagggcgga caagtggat	5280	45
gacattgcct tctgcgtccg gtcgatcagg gaggatatcg gggaagaaca gtatgtcgag	5340	
ctatTTTTTg acttactggg gatcaagcct gattgggaga aaataaaata ttatatTTTA	5400	50
ctggatgaat tgTTTTtagta cctagatgtg gcgcaacgat gccggcgaca agcaggagcg	5460	55
caccgacttc ttccgcatca agtgTTTTgg ctctcaggcc gaggcccaag gcaagtattt	5520	
gggcaagggg tcgctgggtat tcgtgcaggg caagattcgg aataccaagt acgagaagga	5580	60
cggccagacg gtctacggga ccgacttcat tgccgataag gtggattatc tggacaccaa	5640	65

# DE 102 19 203 A 1

ggcaccaggc ggggtcaaatac aggaataagg gcacattgcc ccggcgtgag tcggggcaat 5700  
 5 cccgcaagga ggggtgaatga atcggacgtt tgaccggaag gcatacaggc aagaactgat 5760  
 cgacgcgggg ttttccgccg aggatgccga aaccatcgca agccgcaccg tcatgcggtgc 5820  
 10 gccccgcgaa accttccagt ccgtcggctc gatgggtccag caagctacgg ccaagatcga 5880  
 15 gcgcgacagc gtgcaactgg ctccccctgc cctgcccgcg ccatcggccg ccgtggagcg 5940  
 ttcgcgtcgt ctgcaacagg aggcggcagg tttggcgaag tcgatgacca tcgacacggc 6000  
 20 aggaactatg acgaccaaga agcgaaaaac cgccggcgag gacctggcaa aacaggtcag 6060  
 25 cgaggccaag caggccgcgt tgctgaaaca cacgaagcag cagatcaagg aaatgcagct 6120  
 ttccttggtc gatattgcgc cgtggccgga cacgatgcga gcgatgcaa acgacacggc 6180  
 30 ccgctctgcc ctgttcacca cgcgcaacaa gaaaatcccg cgcgaggcgc tgcaaaacaa 6240  
 35 ggtcattttc cacgtcaaca aggacgtgaa gatcacctac accggcgtcg agctgcgggc 6300  
 cgacgatgac gaactgggtg ggcagcaggt gttggagtac gcgaagcgca cccctatcgg 6360  
 40 cgagccgatc accttcacgt tctacgagct ttgccaggac ctgggctggt cgatcaatgg 6420  
 45 ccggtattac acgaaggccg aggaatgcct gtcgcgccta caggcgacgg cgatgggctt 6480  
 cacgtccgac cgcgttgggc acctggaatc ggtgtcgtg ctgcaccgct tccgcgtcct 6540  
 50 ggaccgtggc aagaaaacgt cccgttgcca ggtcctgac gacgaggaaa tcgtcgtgct 6600  
 55 gtttgcgtgc gaccactaca cgaaattcat atgggagaag taccgcaagc tgcgcccgc 6660  
 ggcccgacgg atgttcgact atttcagctc gcaccgggag ccgtacccgc tcaagctgga 6720  
 60 aaccttcgc ctcatgtgcg gatcggattc caccgcgtg aagaagtggc gcgagcaggt 6780  
 65 cggcgaagcc tgcaagagt tgcgaggcag cggcctggtg gaacacgcct gggatcaatga 6840

# DE 102 19 203 A 1

tgacctggtg cattgcaaac gctagggcct tgtgggggtca gttccggctg ggggttcagc	6900	
agccagcgct ttactggcat ttcaggaaca agcgggcact gctcgacgca cttgcttcgc	6960	5
tcagtatcgc tcgggacgca cggcgcgctc tacgaactgc cgataaacag aggattaaaa	7020	10
ttgacaattg tgattaaggc tcagattcga cggcttggag cggccgacgt gcaggatttc	7080	
cgcgagatcc gattgtcggc cctgaagaaa gctccagaga tgttcgggtc cgtttacgag	7140	15
cacgaggaga aaaagcccat ggaggcggtc gctgaacggt tgcgagatgc cgtggcattc	7200	20
ggcgccctaca tcgacggcga gatcattggg ctgtcgggtct tcaaacagga ggacggcccc	7260	
aaggacgctc acaaggcgca tctgtccggc gttttcgtgg agcccgaaca gcgaggccga	7320	25
ggggtcgccg gtatgctgct gcgggcggtt ccggcggtt tattgctcgt gatgatcgtc	7380	30
cgacagattc caacgggaat ctggtggatg cgcattctca tctcggcgc acttaattatt	7440	
tcgctattct ggagcttggt gtttatttcg gtctaccgcc tgccggggcg ggtcgcggcg	7500	35
acggtaggcg ctgtgcagcc gctgatggc gtgttcattc ctgccgtct gctaggtagc	7560	
ccgatacgat tgatggcggt cctgggggct atttgcgga ctgcgggcgt ggcgctgttg	7620	40
gtgttgacac caaacgcagc gctagatcct gtccgctcg cagcgggcct ggcgggggcg	7680	45
gtttccatgg cgttcggaac cgtgctgacc cgcaagtggc aacctccgt gcctctgctc	7740	
acctttaccg cctggcaact ggcgggcgga ggacttctgc tcgttcagc agcttttagtg	7800	50
tttgatccgc caatcccgat gcctacagga accaatgttc tcggcctggc gtggctcggc	7860	55
ctgatcggag cgggtttaac ctacttcctt tggttccggg ggatctcgc actcgaacct	7920	
acagttgttt cttactggg ctttctcagc ccagatctg gggtcgatca gccggggatg	7980	60
catcaggccg acagtcggaa cttcgggtcc ccgacctgta ccattcgggt agcaatggat	8040	65

# DE 102 19 203 A 1

aggggagttg atatcgtcaa cgttcacttc taaagaaata gcgccactca gcttcctcag 8100  
 5 cggctttatc cagcgatttc ctattatgtc ggcatagttc tcaagatcga cagcctgtca 8160  
 cggttaagcg agaaatgaat aagaaggctg ataattcgga tctctgcgag ggagatgata 8220  
 10 tttgatcaca ggcagcaacg ctctgtcatc gttacaatca acatgctacc ctccgcgaga 8280  
 15 tcatccgtgt ttcaaaccgg gcagcttagt tgccgttctt ccgaatagca tcggtaacat 8340  
 gagcaaagtc tgccgcctta caacggctct cccgctgacg ccgtcccgga ctgatgggct 8400  
 20 gcctgtatcg agtggtgatt ttgtgccgag ctgccggtcg gggagctgtt ggctggctgg 8460  
 25 tggcaggata tatttggtg taaacaaatt gacgcttaga caacttaata acacattgcy 8520  
 gacgttttta atgtactggg gtggtttttc ttttcaccag tgagacgggc aacagctgat 8580  
 30 tgcccttcac cgcctggccc tgagagagtt gcagcaagcg gtccacgctg gtttgcccca 8640  
 35 gcaggcgaaa atcctgtttg atgggtggtc cgaaatcggc aaaatccctt ataaatcaaa 8700  
 agaatagccc gagatagggt tgagtgttgt tccagtttgg aacaagagtc cactattaaa 8760  
 40 gaacgtggac tccaacgtca aagggcgaaa aaccgtctat cagggcgatg gccactacg 8820  
 45 tgaaccatca cccaaatcaa gttttttggg gtcgaggtgc cgtaaagcac taaatcggaa 8880  
 ccctaaaggg agccccgat ttagagcttg acgggggaaag ccggcgaacg tggcgagaaa 8940  
 50 ggaagggaag aaagcgaaag gagcggggcg cattcaggct gcgcaactgt tgggaagggc 9000  
 gatcggtgcy ggctcttcg ctattacgcc agctggcgaa agggggatgt gctgcaaggc 9060  
 55 gattaagttg ggtaacgcca gggttttccc agtcacgacg ttgtaaaacg acggccagt 9120  
 60 aattaattcc catcttgaaa gaaatatagt ttaaataatt attgataaaa taacaagtca 9180  
 65 ggtattatag tccaagcaaa aacataaatt tattgatgca agtttaaatt cagaaatatt 9240

# DE 102 19 203 A 1

tcaataactg attatatcag ctggtacatt gccgtagatg aaagactgag tgcgatatta	9300	
tgtgtaatac ataaattgat gatatagcta gcttagctca tcgggggatc cgtcgaagct	9360	5
agcttgggtc ccgctcagaa gaactcgtca agaaggcgat agaaggcgat gcgctgcgaa	9420	
tcgggagcgg cgataccgta aagcacgagg aagcggtcag cccattcgcc gccaagctct	9480	10
tcagcaatat cacgggtagc caacgctatg tcttgatagc ggtccgccac acccagccgg	9540	15
ccacagtcga tgaatccaga aaagcggcca ttttccacca tgatattcgg caagcaggca	9600	
tcgccatggg tcacgacgag atcctcgccg tcgggcatgc gcgccttgag cctggcgaac	9660	20
agttcggctg gcgcgagccc ctgatgctct tcgtccagat catcctgac gacaagaccg	9720	25
gcttccatcc gagtacgtgc tcgctcgatg cgatgtttcg cttggtggtc gaatgggcag	9780	
gtagccggat caagcgtatg cagccgccgc attgcatcag ccatgatgga tactttctcg	9840	30
gcaggagcaa ggtgagatga caggagatcc tgccccggca cttcgcccaa tagcagccag	9900	35
tcccttcccg cttcagtgac aacgtcgagc acagctgcgc aaggaacgcc cgtcgtggcc	9960	
agccacgata gccgcgctgc ctcgtcctgc agttcattca gggcacccga caggtcggtc	10020	40
ttgacaaaaa gaaccgggcg cccctgcgct gacagccgga acacggcggc atcagagcag	10080	45
ccgattgtct gttgtgccca gtcatagccg aatagcctct ccaccaagc ggccggagaa	10140	
cctgcgtgca atccatcttg ttcaatccaa gctcccatgg gccctcgact agagtcgaga	10200	50
tctggattga gagtgaatat gagactctaa ttggataccg aggggaattt atggaacgtc	10260	55
agtggagcat ttttgacaag aaatatttgc tagctgatag tgaccttagg cgacttttga	10320	
acgcgcaata atggtttctg acgtatgtgc ttagctcatt aaactccaga aaccgcggc	10380	60
tgagtggctc cttcaacgtt gcggttctgt cagttccaaa cgtaaaacgg cttgtcccg	10440	65

# DE 102 19 203 A 1

gtcatcggcg ggggtcataa cgtgactccc ttaattctcc gctcatgac ttgatcccct 10500

5 gcgccatcag atccttggcg gcaagaaagc catccagttt actttgcagg gcttcccaac 10560

cttaccagag ggcgccccag ctggcaattc cggttcgctt gctgtccata aaaccgcca 10620

10 gtctagctat cgccatgtaa gcccaactgca agctacctgc tttctctttg cgcttgcggt 10680

15 ttcccttgtc cagatagccc agtagctgac attcatccgg ggtcagcacc gtttctgcgg 10740

actggctttc tacgtgttcc gtttccttta gcagcccttg cgccttgagt gcttgcgga 10800

20 gcgtgaagct tgcattgctg caggtcgacg gcgcgccgag ctctcgagc aaatttacac 10860

25 attgccacta aacgtctaaa cccttgtaat ttgtttttgt ttactatgt gtgttatgta 10920

tttgatttgc gataaatttt tatatttggg actaaattta taacacctt tatgctaag 10980

30 tttgccaaaca cttagcaatt tgcaagtga ttaattgatt ctaaattatt tttgtcttct 11040

35 aaatacatat actaatcaac tggaaatgta aatatttgc aatatttcta ctataggaga 11100

attaaagtga gtgaatatgg taccacaagg tttggagatt taattgttgc aatgctgcat 11160

40 ggatggcata tacaccaaac attcaataat tcttgaggat aataatggta ccacacaaga 11220

45 tttgaggtgc atgaacgtca cgtggacaaa aggttttagta atttttcaag acaacaatgt 11280

taccacacac aagttttgag gtgcatgcat ggatgcctg tggaaagttt aaaaatat 11340

50 tggaaatgat ttgcatggaa gccatgtgta aaaccatgac atccacttg aggatgcaat 11400

55 aatgaagaaa actacaaatt tacatgcaac tagttatgca tgtagtctat ataatgagga 11460

ttttgcaata ctttcattca tacacactca ctaagtttta cagattata atttcttcat 11520

60 agccagcgga tccgatatcg ggcccgtag cgtaaccct gctttaatga gatatgcgag 11580

65 acgcctatga tcgcatgata tttgctttca attctgttgt gcacgttgta aaaaacctga 11640

# DE 102 19 203 A 1

gcatgtgtag ctcagatcct taccgccggt ttcggttcat tctaataat atatcacccg	11700	
ttactatcgt atttttatga ataataattct ccgttcaatt tactgattgt ccgtcgacga	11760	5
attcgagctc ggcgcgctc tagaggatcg atgaattcag atcggctgag tggctccttc	11820	
aacgttgccg ttctgtcagt tccaaacgta aaacggcttg tcccgcgta cggcggggg	11880	10
tcataacgtg actcccttaa ttctccgctc atgatcagat tgcgtttcc cgccttcagt	11940	15
ttaaactatc agtgtttgac aggatatatt ggccgggtaaa cctaagagaa aagagcggtt	12000	
attagaataa tcggatatct aaaagggcgt gaaaagggtt atccttcgct catttgatg	12060	20
tgcatgccaa ccacagggtt cccca	12085	25
<210> 40		30
<211> 12079		
<212> DNA		
<213> Unknown		35
<220>		
<223> pflanzlicher Expressionsvektor mit einer		40
Promotor-Terminator-Expressionskassette		
<400> 40		45
gatctggcgc cggccagcga gacgagcaag attggccgcc gcccgaaacg atccgacagc	60	
gcgcccagca caggtgcgca ggcaaattgc accaacgcat acagcgccag cagaatgcc	120	50
tagtgggccc tgacgtcgtt cgagtgaacc agatcgcgca ggaggcccgg cagcaccggc	180	
ataatcaggc cgatgccgac agcgtcgagc gcgacagtgc tcagaattac gatcaggggt	240	55
atgttggtt tcacgtctgg cctccggacc agcctccgct ggtccgattg aacgcgcgga	300	60
ttctttatca ctgataagtt ggtggacata ttatgtttat cagtgataaa gtgtcaagca	360	
tgacaaagtt gcagccgaat acagtgatcc gtgccgccct ggacctgttg aacgaggtcg	420	65

# DE 102 19 203 A 1

gcgtagacgg tctgacgaca cgcaaactgg cggaacgggtt ggggggttcag cagccggcgc 480

5 tttactggca cttcaggaac aagcggggcg tgctcgacgc actggccgaa gccatgctgg 540

cggagaatca tacgcattcg gtgccgagag ccgacgacga ctggcgctca tttctgatcg 600

10 ggaatgcccc cagcttcagg caggcgctgc tcgcctaccg cgatggcgcg cgcattccatg 660

15 ccggcacgcg accggggcgca ccgcagatgg aaacggccga cgcgcagctt cgcttcctct 720

gcgaggcggg tttttcggcc ggggacgccg tcaatgcgct gatgacaatc agctacttca 780

20 ctgttggggc cgtgcttgag gagcaggccg gcgacagcga tgccggcgag cgcgggcgca 840

25 ccgttgaaca ggctccgctc tcgccgctgt tgccggccgc gatagacgcc ttcgacgaag 900

ccggtccgga cgcagcgctc gagcaggac tcgcggtgat tgcgatgga ttggcgaaaa 960

30 ggaggctcgt tgtcaggaac gttgaaggac cgagaaaggg tgacgattga tcaggaccgc 1020

35 tgccggagcg caaccactc actacagcag agccatgtag acaacatccc ctcccccttt 1080

ccaccgctc agacgcccg agcagccgc tacgggcttt ttcattgcct gccctagcgt 1140

40 ccaagcctca cggccgctc cggcctctct ggcggccttc tggcgctctt ccgcttcctc 1200

45 gctcactgac tcgctgcgct cggtcgttcg gctgcggcga gcggtatcag ctcaactcaa 1260

ggcggtaata cggttatcca cagaatcagg ggataacgca ggaaagaaca tgtgagcaaa 1320

50 aggccagcaa aaggccagga accgtaaaaa ggccgcgttg ctggcgcttt tccataggct 1380

55 ccgccccct gacgagcatc aaaaaatcg acgctcaagt cagaggtggc gaaacccgac 1440

aggactataa agataccagg cgtttcccc tggaagctcc ctctgctcct ctctgttcc 1500

60 gaccctgccg cttaccgat acctgtccgc cttctcct tcgggaagcg tggcgctttt 1560

65 ccgctgcata accctgcttc ggggtcatta tagcgatttt ttcggtatat ccctcctttt 1620



# DE 102 19 203 A 1

tgcgacgata tacaggattt tgccaaaggg ttcgtgtaga ctttccttgg tgtatccaac	1680	
ggcgtcagcc gggcaggata ggtgaagtag gccacccgc gagcgggtgt tccttcttca	1740	5
ctgtccctta ttcgcacctg gcggtgetca acgggaatcc tgctctgca ggctggccgg	1800	
ctaccgccgg cgtaacagat gagggaagc ggatggctga tgaaaccaag ccaaccagga	1860	10
agggcagccc acctatcaag gtgtactgcc ttccagacga acgaagagcg attgaggaaa	1920	15
aggcggcggc ggccggcatg agcctgtcgg cctacctgct ggccgtcggc cagggctaca	1980	
aaatcacggg cgtcgtggac tatgagcacg tccgcgagct ggcccgcatc aatggcgacc	2040	20
tgggccgcct gggcggcctg ctgaaactct ggctcaccga cgaccgcgc acggcgcggt	2100	25
tcggtgatgc cacgatcctc gccctgctgg cgaagatcga agagaagcag gacgagcttg	2160	
gcaaggatcat gatgggcgtg gtccgccga gggcagagcc atgacttttt tagccgctaa	2220	30
aacggccggg ggggtgcggt gattgccaag cacgtcccca tgcgctccat caagaagagc	2280	35
gacttcgcgg agctggtgaa gtacatcacc gacgagcaag gcaagaccga gcgcctttgc	2340	
gacgctcacc gggctggttg ccctgcgcgc tgggctggcg gccgtctatg gccctgcaaa	2400	40
cgcgccagaa acgccgtcga agccgtgtgc gagacaccgc ggccgccggc gttgtggata	2460	45
cctcgcggaa aacttgccc tcaactgacag atgaggggag gacgttgaca cttgaggggc	2520	
cgactcacc gccgcggcgt tgacagatga ggggcaggct cgatttcggc cggcgacgtg	2580	50
gagctggcca gcctcgcaaa tcggcgaaaa cgctgattt tacgcgagtt tcccacagat	2640	55
gatgtggaca agcctgggga taagtgcct gcggtattga cacttgaggg gcgcgactac	2700	
tgacagatga ggggcgcgat ccttgacact tgaggggcag agtgctgaca gatgaggggc	2760	60
gcacctattg acatttgagg ggctgtccac aggcagaaaa tccagcattt gcaagggttt	2820	65

# DE 102 19 203 A 1

cgcgccgttt ttccggccacc gctaacctgt cttttaacct gctttttaaac caatatttat 2880  
 5 aaaccttggtt tttaaccagg gctgcgcctt gtgcgcgtga ccgcgcacgc cgaagggggg 2940  
 tgccccccct tctcgaacct tcccggcccg ctaacgcggg cctcccatcc ccccaggggc 3000  
 10 tgcccccctc ggccgcgaac ggcctcacc caaaaatggc agcgctggca gtccttgcca 3060  
 15 ttgccgggat cggggcagta acgggatggg cgatcagccc gagcgcgacg cccggaagca 3120  
 ttgacgtgcc gcaggtgctg gcacgcacat tcagcgacca ggtgccgggc agtgagggcg 3180  
 20 gcggcctggg tggcggcctg cccttcactt cggccgtcgg ggcattcacg gacttcattg 3240  
 25 cggggccggc aatttttacc ttgggcattc ttggcatagt ggtcgcgggt gccgtgctcg 3300  
 tggtcggggg tgcgataaac ccagcgaacc atttgaggtg ataggtaaga ttataccgag 3360  
 30 gtatgaaaac gagaattgga cctttacaga attactctat gaagcgccat atttaaaaag 3420  
 35 ctaccaagac gaagaggatg aagaggatga ggaggcagat tgccttgaat atattgacaa 3480  
 tactgataag ataatatatc ttttatatag aagatatcgc cgtatgtaag gatttcaggg 3540  
 40 ggcaaggcat aggcagcgcg cttatcaata tatctataga atgggcaaag cataaaaact 3600  
 45 tgcattggact aatgcttgaa acccaggaca ataaccttat agcttgtaaa ttctatcata 3660  
 attgggtaat gactccaact tattgatagt gttttatggt cagataatgc ccgatgactt 3720  
 50 tgtcatgcag ctccaccgat tttgagaacg acagcgactt ccgtcccagc cgtgccaggt 3780  
 55 gctgcctcag attcagggtt tgccgctcaa ttcgctgcgt atatcgcttg ctgattacgt 3840  
 gcagctttcc cttcaggcgg gattcatata gcggccagcc atccgtcatc catatcacca 3900  
 60 cgtcaaaggg tgacagcagg ctcataagac gccccagcgt cgccatagtg cgttcaccga 3960  
 65 atacgtgcgc aacaaccgtc ttccggagac tgtcatacgc gtaaaacagc cagcgctggc 4020

# DE 102 19 203 A 1

gcgatttagc cccgacatag ccccactggt cgtccatttc cgcgagacg atgacgtcac	4080	
tgcccggctg tatgcgcgag gttaccgact gcggcctgag ttttttaagt gacgtaaaat	4140	5
cgtgttgagg ccaacgcca taatgcgggc tgttgcccgg catccaacgc cattcatggc	4200	
catatcaatg attttctggt gcgtaccggg ttgagaagcg gtgtaagtga actgcagttg	4260	10
ccatgtttta cggcagtgag agcagagata gcgctgatgt ccggcgggtgc ttttgccgtt	4320	15
acgcaccacc ccgtcagtag ctgaacagga gggacagctg atagacacag aagccactgg	4380	
agcacctcaa aaacaccatc atacactaaa tcagtaagtt ggcagcatca cccataattg	4440	20
tggtttcaaa atcgggtccg tcgatactat gttatacgcc aactttgaaa acaactttga	4500	25
aaaagctggt ttctggtatt taaggtttta gaatgcaagg aacagtgaat tggagttcgt	4560	
cttggtataa ttagcttctt ggggtatctt taaatactgt agaaaagagg aaggaaataa	4620	30
taaatggcta aaatgagaat atcaccggaa ttgaaaaaac tgatcgaaaa ataccgctgc	4680	35
gtaaaagata cggaaggaat gtctcctgct aaggatatata agctggtggg agaaaatgaa	4740	
aacctatatt taaaaatgac ggacagccgg tataaaggga ccacctatga tgtggaacgg	4800	40
gaaaaggaca tgatgctatg gctggaagga aagctgcctg ttccaaaggt cctgcacttt	4860	45
gaacggcatg atggctggag caatctgctc atgagtgagg ccgatggcgt cctttgctcg	4920	
gaagagtatg aagatgaaca aagccctgaa aagattatcg agctgtatgc ggagtgcac	4980	50
aggctctttc actccatcga catatcggat tgtccctata cgaatagctt agacagccgc	5040	55
ttagccgaat tggattactt actgaataac gatctggccg atgtggattg cgaaaactgg	5100	
gaagaagaca ctccatttaa agatccgcgc gagctgtatg attttttaa gacggaaaag	5160	60
ccgaagagg aacttgtctt ttcccacggc gacctgggag acagcaacat ctttgtgaaa	5220	65

# DE 102 19 203 A 1

gatggcaaag taagtggcctt tattgatcctt gggagaagcg gcagggcgga caagtgggtat 5280  
 5 gacattgcct tctgcgtccg gtcgatcagg gaggatatcg gggaagaaca gtatgtcgag 5340  
 ctattttttg acttactggg gatcaagcct gattgggaga aaataaaata ttatatttta 5400  
 10 ctggatgaat tgtttttagta cctagatgtg gcgcaacgat gccggcgaca agcaggagcg 5460  
 15 caccgacttc ttccgcatca agtggttttg ctctcaggcc gaggccacg gcaagtattt 5520  
 gggcaagggg tcgctggtat tcgtgcaggg caagattcgg aataccaagt acgagaagga 5580  
 20 cggccagacg gtctacggga ccgacttcat tgccgataag gtggattatc tggacaccaa 5640  
 25 ggcaccaggc ggggtcaaac aggaataagg gcacattgcc ccggcgtagag tcggggcaat 5700  
 cccgcaagga ggggtgaatga atcggacgtt tgaccggaag gcatacaggc aagaactgat 5760  
 30 cgacgcgggg ttttcgccg aggatgccga aaccatcgca agccgcaccg tcatgctgac 5820  
 35 gccccgcgaa accttccagt ccgtcggctc gatggtccag caagctacg ccaagatcga 5880  
 ggcgcgacagc gtgcaactgg ctccccctgc cctgcccgcg ccacggccg ccgtggagcg 5940  
 40 ttcgcgtcgt ctgcaacagg aggcggcagg tttggcgaag tcgatgacca tcgacacgcg 6000  
 45 aggaactatg acgaccaaga agcgaaaaac cgccggcgag gacctggcaa aacaggtcag 6060  
 cgaggccaag caggccgcgt tgctgaaaca cacgaagcag cagatcaagg aaatgcagct 6120  
 50 ttccttgctc gatattgctc cgtggccgga cacgatgca gcgatgcaa acgacacggc 6180  
 55 ccgctctgcc ctgttcacca cgcgcaacaa gaaaatcccg cgcgaggcgc tgcaaaacaa 6240  
 ggtcattttc cacgtcaaca aggacgtgaa gatcacctac accggcgctc agctgcgggc 6300  
 60 cgacgatgac gaactggtgt ggcagcaggt gttggagtac gcgaagcgca cccctatcgg 6360  
 65 cgagccgatc accttcacgt tctacgagct ttgccaggac ctgggctggt cgatcaatgg 6420

# DE 102 19 203 A 1

ccggtattac acgaaggccg aggaatgcct gtcgcgccta caggcgacgg cgatgggctt	6480	
cacgtccgac cgcgttgggc acctggaatc ggtgtcgctg ctgcaccgct tccgcgtcct	6540	5
ggaccgtggc aagaaaacgt cccgttgcca ggtcctgac gacgaggaaa tcgtcgtgct	6600	
gtttgctggc gaccactaca cgaaattcat atgggagaag taccgcaagc tgtcgccgac	6660	10
ggcccgacgg atgttcgact atttcagctc gcaccgggag ccgtaccgc tcaagctgga	6720	15
aaccttcgc ctcattgtgc gatcggattc caccgcgtg aagaagtggc gcgagcaggt	6780	
cggcgaagcc tgcgaagagt tgcgaggcag cggcctggtg gaacacgcct gggccaatga	6840	20
tgacctggtg cattgcaaac gctagggcct tgtgggtca gttccggctg ggggttcagc	6900	25
agccagcgt ttactggcat ttcaggaaca agcgggcact gtcgacgca cttgcttcgc	6960	
tcagtatgc tcgggacgca cggcgcgtc tacgaactgc cgataaacag aggattaaaa	7020	30
ttgacaattg tgattaaggc tcagattcga cggcttgag cggccgacgt gcaggatttc	7080	35
cgcgagatcc gattgtcggc cctgaagaaa gtcacagaga tggtcgggtc cgtttacgag	7140	
cacgaggaga aaaagcccat ggaggcgttc gctgaacggg tgcgagatgc cgtggcattc	7200	40
ggcgcctaca tcgacggcga gatcattggg ctgtcgggtc tcaaacagga ggacggcccc	7260	45
aaggacgtc acaaggcgca tctgtccggc gttttcgtgg agcccgaaca gcgaggccga	7320	
ggggtcgccg gtatgctgct gcgggcgttg ccggcgggtt tattgctcgt gatgatcgtc	7380	50
cgacagattc caacgggaat ctggtggatg cgcatttca tctcggcgc acttaattatt	7440	55
tcgctattct ggagcttggt gtttatttcg gtctaccgcc tgccgggcgg ggtcgggcgg	7500	
acggtaggcg ctgtgcagcc gctgatggc gtgttcattc ctgccgtct gctaggtagc	7560	60
ccgatacgat tgatggcggc cctgggggct atttgcgga ctgcgggcgt ggcgctgttg	7620	65

# DE 102 19 203 A 1

gtgttgacac caaacgcagc gctagatcct gtcggcgctcg cagcgggcct ggcgggggag 7680

5 gtttccatgg cgttcggaac cgtgctgacc cgcaagtggc aacctcccgt gcctctgctc 7740

acctttaccg cctggcaact ggcggccgga ggacttctgc tcgttccagt agcttttagtg 7800

10 tttgatccgc caatcccgat gcctacagga accaatgttc tcggcctggc gtggctcggc 7860

15 ctgatcggag cgggtttaac ctacttcctt tggttccggg ggatctcgcg actogaacct 7920

acagttgttt ccttactggg ctttctcagc ccagatctg gggtcgatca gccggggatg 7980

20 catcaggccg acagtcggaa cttcgggtcc ccgacctgta ccattcgggtg agcaatggat 8040

25 aggggagttg atatcgtcaa cgttcacttc taaagaaata gcgccactca gcttcctcag 8100

cggctttatc cagcgatttc ctattatgtc ggcatagtgc tcaagatcga cagcctgtca 8160

30 cggttaagcg agaaatgaat aagaaggctg ataattcgga tctctgagag ggagatgata 8220

35 tttgatcaca ggcagcaacg ctctgtcatc gttacaatca acatgctacc ctccgagaga 8280

tcatccgtgt ttcaaaccgg gcagcttagt tgccgttctt ccgaatagca tcggtaacat 8340

40 gagcaaagtc tgccgcctta caacggctct cccgctgacg ccgtcccgga ctgatgggct 8400

45 gcctgtatcg agtggtgatt ttgtgccgag ctgccggctg gggagctgtt ggctggctgg 8460

tggcaggata tattgtgggtg taaacaaatt gacgcttaga caacttaata acacattgag 8520

50 gacgttttta atgtactggg gtgggttttc ttttcaccag tgagacgggc aacagctgat 8580

55 tgcccttcac cgcctggccc tgagagagtt gcagcaagcg gtccacgctg gtttgcccca 8640

gcaggcgaaa atcctgtttg atggtgggtc cgaaatcggc aaaatccctt ataaatcaaa 8700

60 agaatagccc gagatagggt tgagtgttgt tccagtttgg aacaagagtc cactattaaa 8760

65 gaacgtggac tccaacgtca aagggcgaaa aaccgtctat cagggcgatg gccactacg 8820

# DE 102 19 203 A 1

tgaaccatca cccaaatcaa gttttttggg gtcgaggtgc cgtaaagcac taaatcggaa	8880	
ccctaaaggg agccccgat ttagagcttg acggggaaag ccggcgaacg tggcgagaaa	8940	5
ggaaggggaag aaagcgaaag gagcgggagc cattcaggct gcgcaactgt tgggaagggc	9000	10
gatcgggtgcg ggcctcttcg ctattacgcc agctggcgaa agggggatgt gctgcaaggc	9060	
gattaagttg ggtaacgcca gggttttccc agtcacgacg ttgtaaaacg acggccagtg	9120	15
aattaattcc catcttgaaa gaaatatagt ttaaataatt attgataaaa taacaagtca	9180	20
ggtattatag tccaagcaaa aacataaatt tattgatgca agtttaaatt cagaaatatt	9240	
tcaataactg attatatcag ctggtacatt gccgtagatg aaagactgag tgcgatatta	9300	25
tgtgtaatac ataaattgat gatatagcta gcttagctca tcgggggatc cgtcgaagct	9360	30
agcttgggtc ccgctcagaa gaactcgtca agaaggcgat agaaggcgat gcgctgcgaa	9420	
tcgggagcgg cgataccgta aagcacgagg aagcggtcag cccattcgcc gccaaagctct	9480	35
tcagcaatat cacgggtagc caacgctatg tcctgatagc ggtccgccac acccagccgg	9540	40
ccacagtcga tgaatccaga aaagcggcca tttccacca tgatattcgg caagcaggca	9600	
tcgccatggg tcacgacgag atcctcgccg tcgggcatgc gcgccttgag cctggcgaac	9660	45
agttcggctg gcgcgagccc ctgatgctct tcgtccagat catcctgac gacaagaccg	9720	50
gcttccatcc gagtacgtgc tcgctcgatg cgatgtttcg cttggtggtc gaatgggcag	9780	
gtagccggat caagcgtatg cagccgccgc attgcatcag ccatgatgga tactttctcg	9840	55
gcaggagcaa ggtgagatga caggagatcc tgccccggca cttcgcccaa tagcagccag	9900	60
tcccttcccg cttcagtgac aacgtcgagc acagctgcgc aaggaacgcc cgctcgtggc	9960	
agccacgata gccgcgctgc ctcgtcctgc agttcattca gggcaccgga caggtcggtc	10020	65

# DE 102 19 203 A 1

ttgacaaaaa gaaccgggcg cccctgcgct gacagccgga acacggcggc atcagagcag 10080  
 5 ccgattgtct gttgtgcca gtcatagccg aatagcctct ccaccaagc ggccggagaa 10140  
 cctgcgtgca atccatcttg ttcaatccaa gctcccatgg gccctcgact agagtcgaga 10200  
 10 tctggattga gagtgaatat gagactctaa ttggataccg aggggaattt atggaacgtc 10260  
 15 agtggagcat ttttgacaag aaatatttgc tagctgatag tgacctagg cgacttttga 10320  
 acgcgcaata atggtttctg acgtatgtgc ttagctcatt aaactccaga aaccgcggc 10380  
 20 tgagtggctc cttcaacggt gcggttctgt cagttccaaa cgtaaaacgg cttgtcccgc 10440  
 25 gtcacggcg ggggtcataa cgtgactccc ttaattctcc gtcatgatc ttgatccct 10500  
 gcgccatcag atccttggcg gcaagaaagc catccagttt actttgcagg gcttcccaac 10560  
 30 cttaccagag ggcgccccag ctggcaattc cggttcgctt gctgtccata aaaccgcca 10620  
 35 gtctagctat cgccatgtaa gccactgca agctacctgc tttctctttg cgcttgcgtt 10680  
 ttcccttgtc cagatagccc agtagctgac attcatccgg ggtagcacc gtttctgagg 10740  
 40 actggctttc tacgtgttcc gcttccttta gcagcccttg cgccctgagt gcttgcgga 10800  
 45 gcgtgaagct tgcattgctg caggtcgacg gcgcgccgag ctctcgagc aaatttacac 10860  
 attgccacta aacgtctaaa cccttgtaat ttgtttttgt tttactatgt gtgttatgta 10920  
 50 tttgatttgc gataaatttt tatatttggt actaaattta taacacctt tatgctaacg 10980  
 55 tttgccaaca cttagcaatt tgcaagttga ttaattgatt ctaaattatt tttgtcttct 11040  
 aaatacatat actaatcaac tggaaatgta aatatttgct aatatttcta ctataggaga 11100  
 60 attaaagtga gtgaatatgg taccacaagg tttggagatt taattgttgc aatgctgcat 11160  
 65 ggatggcata tacaccaaac attcaataat tcttgaggat aataatggta ccacacaaga 11220



# DE 102 19 203 A 1

tttgaggtgc atgaacgtca cgtggacaaa aggttttagta atttttcaag acaacaatgt 11280  
 taccacacac aagttttgag gtgcatgcat ggatgccctg tggaaagttt aaaaatattt 11340  
 tggaaatgat ttgcatggaa gccatgtgta aaaccatgac atccacttgg aggatgcaat 11400  
 aatgaagaaa actacaaatt tacatgcaac tagttatgca tgtagtctat ataatgagga 11460  
 ttttgcaata ctttcattca tacacactca ctaagtttta cagattata atttcttcat 11520  
 agccagcaga tctgccggca tcgatcccg gccatggcct gctttaatga gatatgcgag 11580  
 acgcctatga tcgcatgata tttgctttca attctgttgt gcacgttgta aaaaacctga 11640  
 gcatgtgtag ctcagatcct taccgccggt ttcggttcat tctaataaat atatcaccgc 11700  
 ttactatcgt atttttatga ataatttct ccgttcaatt tactgattgt ccgtcgacga 11760  
 gctcggcgcg cctctagagg atcgatgaat tcagatcggc tgagtggctc cttcaacggt 11820  
 gcggttctgt cagttccaaa cgtaaaacgg cttgtcccgc gtcacggcg ggggtcataa 11880  
 cgtgactccc ttaattctcc gctcatgac agattgtcgt ttccgcctt cagtttaaac 11940  
 tatcagtgtt tgacaggata tattggcggg taaacctaag agaaaagagc gtttattaga 12000  
 ataatcggat atttaaaagg gcgtgaaaag gtttatcctt cgtccatttg tatgtgcatg 12060  
 ccaaccacag ggttcccca 12079

<210> 41

<211> 13002

<212> DNA

<213> Unknown

<220>

<223> pflanzlicher Expressionsvektor mit zwei  
 Promotor-Terminator-Expressionskassetten

# DE 102 19 203 A 1

<400> 41

gatctggcgc cggccagcga gacgagcaag attggccgcc gcccgaaacg atccgacagc 60  
5 gcgcccagca caggtgcgca ggcaaattgc accaacgcat acagcgccag cagaatgcca 120  
10 tagtgggcgg tgacgtcggt cgagtgaacc agatcgcgca ggaggcccgg cagcaccggc 180  
ataatcaggc cgatgccgac agcgtcgagc gcgacagtgc tcagaattac gatcaggggt 240  
15 atgttgggtt tcacgtctgg cctccggacc agcctccgct ggtccgattg aacgcgcgga 300  
20 ttctttatca ctgataagtt ggtggacata ttatgtttat cagtataaaa gtgtcaagca 360  
tgacaaagtt gcagccgaat acagtgatcc gtgccgccct ggacctgttg aacgaggtcg 420  
25 gcgtagacgg tctgacgaca cgcaaactgg cggaacgggt gggggttcag cagccggcgc 480  
30 ttactggca cttcaggaac aagcggggcg tgctcgacgc actggccgaa gccatgctgg 540  
cggagaatca tacgcattcg gtgccgagag ccgacgacga ctggcgctca tttctgatcg 600  
35 ggaatgcccg cagcttcagg caggcgctgc tcgcctaccg cgatggcgcg cgcattccatg 660  
40 ccggcacgcg accggggcgca ccgcagatgg aaacggccga cgcgcagctt cgcttcctct 720  
gcgaggcggg tttttcggcc ggggacgccg tcaatgcgct gatgacaatc agctacttca 780  
45 ctgttggggc cgtgcttgag gagcaggccg gcgacagcga tgccggcgag cgcggcggca 840  
ccgttgaaca ggctccgctc tcgccgctgt tgccggccgc gatagacgcc ttcgacgaag 900  
50 ccggtccgga cgcagcgctc gagcagggac tcgcggtgat tgtcgatgga ttggcgaaaa 960  
55 ggaggctcgt tgtcaggaac gttgaaggac cgagaaaggg tgacgattga tcaggaccgc 1020  
tgccggagcg caaccactc actacagcag agccatgtag acaacatccc ctcccccttt 1080  
60 ccaccgcgtc agacgcccgt agcagcccgc tacgggcttt ttcatgccct gccctagcgt 1140  
65

# DE 102 19 203 A 1

ccaagcctca cggcgcgcgt cggcctctct ggccggccttc tggcgctctt ccgcttcctc	1200	
gctcactgac tcgctgcgct cggtcgttcg gctgcggcga gcggtatcag ctactcaaa	1260	5
ggcggtaata cggttatcca cagaatcagg ggataacgca ggaaagaaca tgtgagcaaa	1320	
aggccagcaa aaggccagga accgtaaaaa ggccgcgttg ctggcgtttt tccataggct	1380	10
ccgccccct gacgagcatc acaaaaatcg acgctcaagt cagaggtggc gaaacccgac	1440	15
aggactataa agataccagg cgtttcccc tggaagctcc ctcgctgcgt ctctgttcc	1500	
gacctgccc cttaccggat acctgtccgc cttctcct tcgggaagcg tggcgctttt	1560	20
ccgctgcata acctgcttc ggggtcatta tagcgatttt ttcggtatat ccctctttt	1620	25
tcgcacgata tacaggattt tgccaaaggg ttcgtgtaga ctttccttgg tgtatccaac	1680	
ggcgtcagcc gggcaggata ggtgaagtag gccacccgc gagcgggtgt tccttcttca	1740	30
ctgtccctta ttcgcacctg gcggtgctca acgggaatcc tgctctgca ggctggccgg	1800	35
ctaccgccgg cgtaacagat gagggcaagc ggatggctga tgaaaccaag ccaaccagga	1860	
agggcagccc acctatcaag gtgtactgcc ttccagacga acgaagagcg attgaggaaa	1920	40
aggcggcggc ggccggcatg agcctgtcgg cctacctgct ggccgtcggc cagggtaca	1980	45
aatcacggg cgtcgtggac tatgagcacg tccgcgagct ggccgcctc aatggcgacc	2040	
tgggccgcct gggcggcctg ctgaaactct ggctaccga cgaccgcgc acggcgcggt	2100	50
tcggtgatgc cagcatcctc gccctgctgg cgaagatcga agagaagcag gacgagcttg	2160	55
gcaaggatcat gatgggcgtg gtccgcccga gggcagagcc atgacttttt tagccgctaa	2220	
aacggccggg gggcgcgcgt gattgccaag cacgtcccca tgcgtccat caagaagagc	2280	60
gacttcgcgg agctggtgaa gtacatcacc gacgagcaag gcaagaccga gcgcctttgc	2340	65

# DE 102 19 203 A 1

gacgctcacc gggctggttg ccctcgccgc tgggctggcg gccgtctatg gccctgcaaa 2400  
 5 cgcgccagaa acgccgtcga agccgtgtgc gagacaccgc ggccgcccgc gttgtggata 2460  
 cctcgcgga aacttgccc tcaactgacag atgaggggcg gacgttgaca cttgaggggc 2520  
 10 cgactcacc ggcgcgcggt tgacagatga ggggcaggct cgatttcggc cggcgacgtg 2580  
 15 gagctggcca gcctcgcaaa tcggcgaaaa cgctgattt tacgcgagtt tcccacagat 2640  
 gatgtggaca agcctgggga taagtgcctt gcggtattga cacttgaggg gcgcgactac 2700  
 20 tgacagatga ggggcgcat ccttgacact tgaggggcag agtgctgaca gatgaggggc 2760  
 gcacctattg acatttgagg ggctgtccac aggcagaaaa tccagcattt gcaaggggtt 2820  
 ccgcccgttt ttggccacc gctaacctgt cttttaacct gcttttaaac caatatttat 2880  
 30 aaaccttggt tttaaccagg gctgcgccct gtgcgctga ccgcgacgc cgaagggggg 2940  
 35 tgccccctt tctcgaacc tcccggcccg ctaacgcggg cctcccatcc cccagggg 3000  
 tgccccctc ggccgcgaac ggcctcacc caaaaatggc agcgctggca gtccttgcca 3060  
 40 ttgccgggat cggggcagta acgggatggg cgatcagccc gagcgcgacg cccggaagca 3120  
 45 ttgacgtgcc gcaggtgctg gcatcgacat tcagcgacca ggtgccgggc agtgagggcg 3180  
 gcggcctggg tggcggcctg cccttcactt cggccgtcgg ggcattcacg gacttcatgg 3240  
 50 cggggccggc aatttttacc ttgggcattc ttggcatagt ggtcgcgggt gccgtgctcg 3300  
 55 tgttcggggg tgcgataaac ccagcgaacc atttgaggtg ataggtaaga ttataccgag 3360  
 gtatgaaaac gagaattgga cttttacaga attactctat gaagcgccat atttaaaaag 3420  
 60 ctaccaagac gaagaggatg aagaggatga ggaggcagat tgccttgaat atattgaaa 3480  
 65 tactgataag ataatatatc ttttatatag aagatatcgc cgtatgtaag gatttcaggg 3540

# DE 102 19 203 A 1

ggcaaggcat aggcagcgcg cttatcaata tatctataga atgggcaaag cataaaaact	3600	
tgcatggact aatgcttgaa acccaggaca ataaccttat agcttgtaaa ttctatcata	3660	5
attgggtaat gactccaact tattgatagt gttttatggt cagataatgc ccgatgactt	3720	
tgtcatgcag ctccaccgat tttgagaacg acagcgactt ccgtcccagc cgtgccaggt	3780	10
gctgcctcag attcagggtta tgccgctcaa ttcgctgcgt atatcgcttg ctgattacgt	3840	15
gcagctttcc cttcaggcgg gattcataca gcggccagcc atccgtcacc catatcacca	3900	
cgtcaaaggg tgacagcagg ctcataagac gcccagcgt cgcctatagt cgttcaccga	3960	20
atacgtgcgc aacaaccgtc ttccggagac tgtcatagc gtaaaacagc cagcgctggc	4020	25
gcgatttagc cccgacatag cccactggt cgtccatttc cgcgcagacg atgacgtcac	4080	
tgcccggctg tatgcgcgag gttaccgact gcggcctgag ttttttaagt gacgtaaaat	4140	30
cgtgttgagg ccaacgccc -taatgcgggc tgttgcccgg catccaacgc cattcatggc	4200	35
catatcaatg attttctggt gcgtaccggg ttgagaagcg gtgtaagtga actgcagttg	4260	
ccatgtttta cggcagtgag agcagagata gcgctgatgt ccggcgggtgc ttttgccgtt	4320	40
acgcaccacc ccgtcagtag ctgaacagga gggacagctg atagacacag aagccactgg	4380	45
agcacctcaa aaacaccatc atactactaaa tcagtaagtt ggcagcatca ccataattg	4440	
tggtttcaaa atcggtccg tcgatactat gttatacgcc aactttgaaa acaactttga	4500	50
aaaagctggt ttctggtatt taagggttta gaatgcaagg aacagtgaat tggagttcgt	4560	55
cttgttataa ttagcttctt ggggtatctt taaatactgt agaaaagagg aaggaaataa	4620	
taaatggcta aaatgagaat atcaccgga ttgaaaaaac tgatcgaaaa ataccgctgc	4680	60
gtaaaagata cggaaggaat gtctcctgct aaggatatata agctggtggg agaaaatgaa	4740	65

# DE 102 19 203 A 1

aacctatatt taaaaatgac ggacagccgg tataaaggga ccacctatga tgtggaacgg 4800  
 5 gaaaaggaca tgatgctatg gctggaagga aagctgcctg ttccaaaggt cctgcacttt 4860  
 gaacggcatg atggctggag caatctgctc atgagtgagg ccgatggcgt cctttgctcg 4920  
 10 gaagagtatg aagatgaaca aagccctgaa aagattatcg agctgtatgc ggagtgcac 4980  
 15 aggctctttc actccatcga catatcggat tgtccctata cgaatagctt agacagccgc 5040  
 ttagccgaat tggattactt actgaataac gatctggccg atgtggattg cgaaaactgg 5100  
 20 gaagaagaca ctccatttaa agatccgcgc gagctgtatg attttttaaa gacggaaaag 5160  
 25 cccgaagagg aacttgtctt ttcccacggc gacctgggag acagcaacat ctttgtgaaa 5220  
 gatggcaaag taagtggctt tattgatctt gggagaagcg gcagggcgga caagtggat 5280  
 30 gacattgcct tctgcgtccg gtcgatcagg gaggatatcg gggaagaaca gtatgtcgag 5340  
 35 ctattttttg acttactggg gatcaagcct gattgggaga aaataaaata ttatatttta 5400  
 ctggatgaat tgttttagta cctagatgtg gcgcaacgat gccggcgaca agcaggagcg 5460  
 40 caccgacttc ttccgcatca agtgttttgg ctctcaggcc gaggccacg gcaagtattt 5520  
 45 gggcaagggg tcgctggat tctgacagg caagattcgg aataccaagt acgagaagga 5580  
 cggccagacg gtctacggga ccgacttcac tgccgataag gtggattatc tggacaccaa 5640  
 50 ggcaccaggc ggggtcaaac aggaataagg gcacattgcc ccggcgtgag tgggggcaat 5700  
 55 cccgcaagga ggggtgaatga atcggacgtt tgaccggaag gcatacaggc aagaactgat 5760  
 cgacgcgggg ttttccgccg aggatgccga aaccatcgca agccgcaccg tcatgcgtgc 5820  
 60 gccccgcgaa accttccagt ccgtcggctc gatgggtccag caagctacgg ccaagatcga 5880  
 65 gcgcgacagc gtgcaactgg ctccccctgc cctgcccgcg ccatcggccg ccgtggagcg 5940

# DE 102 19 203 A 1

ttcgcgtcgt ctcgaacagg aggcggcagg tttggcgaag tcgatgacca tcgacacgcg	6000	
aggaactatg acgaccaaga agcgaaaaac cgccggcgag gacctggcaa aacaggtcag	6060	5
cgaggccaag caggccgctg tgctgaaaca cacgaagcag cagatcaagg aaatgcagct	6120	
ttccttggtc gatattgcgc cgtggccgga cacgatgcga gcgatgcaa acgacacggc	6180	10
ccgctctgcc ctgttcacca cgcgcaacaa gaaaatcccc cgcgaggcgc tgcaaaacaa	6240	15
ggtcattttc cacgtcaaca aggacgtgaa gatcacctac accggcgctc agctgcgggc	6300	
cgacgatgac gaactggtgt ggcagcaggt gttggagtac gcgaagcgca cccctatcgg	6360	20
cgagccgatc accttcacgt tctacgagct ttgccaggac ctgggctggt cgatcaatgg	6420	25
ccggtattac acgaaggccg aggaatgcct gtcgcgccta caggcgacgg cgatgggctt	6480	
cacgtccgac cgcgttgggc acctggaatc ggtgtcgctg ctgcaccgct tccgcgtcct	6540	30
ggaccgtggc aagaaaacgt cccgttgcca ggtcctgatc gacgaggaaa tcgtcgtgct	6600	35
gtttgctggc gaccactaca cgaaattcat atgggagaag taccgcaagc tgtcgccgac	6660	
ggcccgacgg atgttcgact atttcagctc gcaccgggag ccgtaccgcg tcaagctgga	6720	40
aaccttcgcg ctcattgtgc gatcggattc caccgcgctg aagaagtggc gcgagcaggt	6780	45
cggcgaagcc tgcgaagagt tgcgaggcag cggcctggtg gaacacgcct ggggtcaatga	6840	
tgacctggtg cattgcaaac gctagggcct tgtgggggtc gttccggctg ggggttcagc	6900	50
agccagcgct ttactggcat ttcaggaaca agcgggcact gctcgacgca cttgcttcgc	6960	55
tcagtatcgc tcgggacgca cggcgcgctc tacgaactgc cgataaacag aggattaaaa	7020	
ttgacaattg tgattaaggc tcagattcga cggcttggag cggccgacgt gcaggatttc	7080	60
cgcgagatcc gattgtcggc cctgaagaaa gctccagaga tgttcgggtc cgtttacgag	7140	65

# DE 102 19 203 A 1

cacgaggaga aaaagcccat ggaggcggtc gctgaacggt tgcgagatgc cgtggcattc 7200  
 5 ggcgccctaca tcgacggcga gatcattggg ctgtcgggtct tcaaacagga ggacggcccc 7260  
 aaggacgctc acaaggcgca tctgtccggc gttttcgtgg agcccgaaca gcgaggccga 7320  
 10 ggggtcgcgc gtatgctgct gcgggcggtg ccggcggggtt tattgctcgt gatgatcgtc 7380  
 cgacagattc caacgggaat ctggtggatg cgcattctca tctcggcgc acttaatat 7440  
 15 tcgctattct ggagcttggt gtttatttcg gtctaccgcc tgccggggcg ggtcgcggcg 7500  
 20 acggtaggcg ctgtgcagcc gctgatggtc gtgttcattc ctgccgtct gctaggtagc 7560  
 ccgatacgat tgatggcggt cctgggggct atttgcggaa ctgcgggcgt ggcgctgttg 7620  
 25 gtgttgacac caaacgcagc gctagatcct gtccggcgtc cagcgggcct ggcgggggcg 7680  
 30 gtttccatgg cgttcggaac cgtgctgacc cgcaagtggc aacctccgt gcctctgctc 7740  
 acctttaccg cctggcaact ggcgcccgga ggacttctgc tcgttccagt agcttttagtg 7800  
 35 tttgatccgc caatcccgat gcctacagga accaatgttc tcggcctggc gtggctcggc 7860  
 40 ctgatcggag cgggtttaac ctacttcctt tggttcggg ggatctcgcg actcgaacct 7920  
 acagttgttt ccttactggg ctttctcagc ccagatctg gggtcgatca gccgggggatg 7980  
 45 catcaggccg acagtcggaa cttcgggtcc ccgacctgta ccattcgggt agcaatggat 8040  
 50 aggggagttg atatcgtcaa cgttcacttc taaagaaata gcgccactca gcttcctcag 8100  
 cggctttatc cagcgatttc ctattatgtc ggcatagttc tcaagatcga cagcctgtca 8160  
 55 cggttaagcg agaaatgaat aagaaggctg ataattcgga tctctgcgag ggagatgata 8220  
 60 tttgatcaca ggcagcaacg ctctgtcatc gttacaatca acatgctacc ctccgcgaga 8280  
 65 tcatccgtgt ttcaaaccgc gcagcttagt tgccgttctt ccgaatagca tcggtaacat 8340



# DE 102 19 203 A 1

gagcaaaagtc tgccgcctta caacggctct cccgctgacg ccgtcccgga ctgatgggct	8400	
gcctgtatcg agtgggtgatt ttgtgccgag ctgccggtcg gggagctggt ggctggctgg	8460	5
tggcaggata tatttggtg taaacaaatt gacgcttaga caacttaata acacattgcg	8520	
gacgttttta atgtactggg gtgggttttc ttttcaccag tgagacgggc aacagctgat	8580	10
tgcccttcac cgcctggccc tgagagagtt gcagcaagcg gtccacgctg gtttgcccca	8640	15
gcaggcgaaa atcctgtttg atggtgggtc cgaaatcggc aaaatccctt ataaatcaaa	8700	
agaatagccc gagatagggg tgagtgttgt tccagtttgg aacaagagtc cactattaaa	8760	20
gaacgtggac tccaacgtca aagggcgaaa aaccgtctat cagggcgatg gccactacg	8820	25
tgaaccatca cccaaatcaa gttttttggg gtcgaggtgc cgtaaagcac taaatcgga	8880	
ccctaaaggg agccccgat ttagagcttg acggggaaag ccggcgaaacg tggcgagaaa	8940	30
ggaaggggaag aaagcgaaag gagcggggcg cattcaggct gcgcaactgt tgggaagggc	9000	35
gatcgggtgcg ggcctcttcg ctattacgcc agctggcgaa agggggatgt gctgcaaggc	9060	
gattaagttg ggtaacgcca gggttttccc agtcacgacg ttgtaaaacg acggccagt	9120	40
aathtaattcc catcttgaaa gaaatatagt ttaaataattt attgataaaa taacaagtca	9180	45
ggtattatag tccaagcaaa aacataaatt tattgatgca agtttaaatt cagaaatatt	9240	
tcaataactg attatatcag ctggtacatt gccgtagatg aaagactgag tgcgatatta	9300	50
tgtgtaatac ataaattgat gatatagcta gcttagctca tcgggggatc cgtcgaagct	9360	55
agcttgggtc ccgctcagaa gaactcgtca agaaggcgat agaaggcgat gcgctgcgaa	9420	
tcgggagcgg cgataccgta aagcacgagg aagcggtcag cccattcgcc gccaaagctct	9480	60
tcagcaatat cacgggtagc caacgctatg tcctgatagc ggtccgccac acccagccgg	9540	65

# DE 102 19 203 A 1

ccacagtcga tgaatccaga aaagcggcca tttccacca tgatattcgg caagcaggca 9600

5 tcgccatggg tcacgacgag atcctcgccg tcgggcatgc ggccttgag cctggcgaac 9660

agttcggctg gcgcgagccc ctgatgctct tcgtccagat catcctgac gacaagaccg 9720

10 gcttccatcc gagtacgtgc tcgctcgatg cgatgtttcg cttggtggtc gaatgggcag 9780

15 gtagccggat caagcgtatg cagccgccc attgcatcag ccatgatgga tactttctcg 9840

gcaggagcaa ggtgagatga caggagatcc tgccccggca cttcgcccaa tagcagccag 9900

20 tcccttcccg cttcagtgac aacgtcgagc acagctgcgc aaggaacgcc cgtcgtggcc 9960

agccacgata gccgcgctgc ctgcctcgc agttcattca gggcaccgga caggtcggtc 10020

25 ttgacaaaaa gaaccgggcg cccctgcgct gacagccgga acacggcggc atcagagcag 10080

30 ccgattgtct gttgtgcca gtcatacgcc aatagcctct ccaccaagc ggccggagaa 10140

cctgcgtgca atccatcttg ttcaatccaa gctcccatgg gcctcgact agagtcgaga 10200

35 tctggattga gagtgaatat gagactctaa ttggataccg aggggaattt atggaacgtc 10260

40 agtggagcat ttttgacaag aaatatttgc tagctgatag tgacctagg cgacttttga 10320

45 acgcgcaata atggtttctg acgtatgtgc ttagctcatt aaactccaga aaccgcggc 10380

tgagtggctc cttcaacgtt gcggttctgt cagttccaaa cgtaaacgg cttgtcccgc 10440

50 gtcacggcg ggggtcataa cgtgactccc ttaattctcc gtcacgatc ttgatccct 10500

55 gcgccatcag atccttggcg gcaagaaagc catccagttt actttgcagg gcttcccaac 10560

cttaccagag ggcgccccag ctggcaattc cggttcgctt gctgtccata aaaccgcca 10620

60 gtctagctat cgccatgtaa gccactgca agctacctgc tttctcttg cgcttgctt 10680

65 ttcccttgct cagatagccc agtagctgac attcatccg ggtcagcacc gtttctgcgg 10740

# DE 102 19 203 A 1

actggctttc tacgtgttcc gtttccttta gcagcccttg cggcctgagt gcttgcgga 10800	
gcgtgaagct tgcattgctg caggctgacg gcgcgcccag ctctctgagc aaatttacac 10860	5
attgccacta aacgtctaaa cccttgtaat ttgtttttgt tttactatgt gtgttatgta 10920	
tttgatttgc gataaatttt tatatttggt actaaattta taacaccttt tatgctaacg 10980	10
tttgccaaca cttagcaatt tgcaagttga ttaattgatt ctaaattatt tttgtcttct 11040	15
aaatacatat actaatcaac tggaaatgta aatatttgc aatatttcta ctataggaga 11100	
attaaagtga gtgaatatgg taccacaagg tttggagatt taattgttgc aatgctgcat 11160	20
ggatggcata tacaccaaac attcaataat tcttgaggat aataatggta ccacacaaga 11220	25
tttgaggtgc atgaacgtca cgtggacaaa aggttttagta atttttcaag acaacaatgt 11280	
taccacacac aagttttgag gtgcatgcat ggatgccctg tggaaagttt aaaaatattt 11340	30
tggaaatgat ttgcatggaa gccatgtgta aaaccatgac atccacttgg aggatgcaat 11400	35
aatgaagaaa actacaaatt tacatgcaac tagttatgca tgtagtctat ataatgagga 11460	
ttttgcaata ctttcattca tacacactca ctaagtttta cacgattata atttcttcat 11520	40
agccagccca ccgcggtggg cggccgctg cagtctagaa ggctcctgc tttaatgaga 11580	45
tatgcgagac gcctatgac gcattgatatt tgctttcaat tctgttgtgc acgttgtaaa 11640	
aaacctgagc atgtgtagct cagatcctta ccgcggttt cggttcattc taatgaatat 11700	50
atcacccgtt actatcgtat ttttatgaat aatattctcc gttcaattta ctgattgtcc 11760	55
gtcgagcaaa tttacacatt gccactaaac gtctaaacc ttgtaatttg tttttgtttt 11820	
actatgtgtg ttatgtattt gatttgcat aaatttttat atttggtact aaatttataa 11880	60
caccttttat gctaacgttt gccaacactt agcaatttgc aagttgatta attgattcta 11940	65

# DE 102 19 203 A 1

aattattttt gtcttctaaa tacatatact aatcaactgg aaatgtaaatt atttgctaatt 12000  
 5 atttctacta taggagaatt aaagtgagtg aatatggtac cacaagggtt ggagatttaa 12060  
 ttgttgcaat gctgcatgga tggcatatac accaaacatt caataattct tgaggataat 12120  
 10 aatggtacca cacaagattt gaggtgcatg aacgtcacgt ggacaaaagg tttagtaatt 12180  
 15 tttcaagaca acaatgttac cacacacaag ttttgaggtg catgcatgga tgcctgtgg 12240  
 aaagtttaaa aatatttttg aaatgatttg catggaagcc atgtgtaaaa ccatgacatc 12300  
 20 cacttgagg atgcaataat gaagaaaact acaaatttac atgcaactag ttatgcatgt 12360  
 25 agtctatata atgaggattt tgcaatactt tcattcatac aactcacta agttttacac 12420  
 gattataatt tcttcatagc cagcggatcc gatatcgggc ccgctagcgt taaccctgct 12480  
 30 ttaatgagat atgagagacg cctatgatcg catgatattt gctttcaatt ctgttgtgca 12540  
 35 cgttgtaaaa aacctgagca tgtgtagctc agatccttac cgcgggttc gggttcattct 12600  
 aatgaatata tcaccggtta ctatcgtatt tttatgaata atattctccg ttcaatttac 12660  
 40 tgattgtccg tcgacgaatt cgagctcggc ggcctctag aggatcgatg aattcagatc 12720  
 45 ggctgagtg ctccttcaac gttgcgggtc tgtcagttcc aaacgtaaaa cggcttggtcc 12780  
 cgcgtcatcg gcgggggtca taacgtgact ccttaattc tccgctcatg atcagattgt 12840  
 50 cgtttcccg cttcagttta aactatcagt gtttgacagg atatattggc gggtaaacct 12900  
 55 aagagaaaag agcgtttatt agaataatcg gatatttaaa agggcgtgaa aaggtttatc 12960  
 cttcgtccat ttgtatgtgc atgccaacca cagggttccc ca 13002  
 60  
 <210> 42  
 <211> 13905  
 65 <212> DNA

# DE 102 19 203 A 1

<213> Unknown

<220>

<223> pflanzlicher Expressionsvektor mit drei  
Promotor-Terminator-Expressionskassetten

<400> 42

gatctggcgc cggccagcga gacgagcaag attggccgcc gcccgaaacg atccgacagc	60
gcgcccagca caggtgcgca ggcaaattgc accaacgcac acagcgccag cagaatgccca	120
tagtggggcgg tgacgtcggt cgagtgaacc agatcgcgca ggaggcccg cagcaccggc	180
ataatcaggc cgatgccgac agcgtcgagc gcgacagtgc tcagaattac gatcaggggt	240
atgttgggtt tcacgtctgg cctccggacc agcctccgct ggtccgattg aacgcgcgga	300
ttctttatca ctgataagtt ggtggacata ttatgtttat cagtgataaa gtgtcaagca	360
tgacaaagtt gcagccgaat acagtgatcc gtgccgccct ggacctgttg aacgaggtcg	420
gcgtagacgg tctgacgaca cgcaaactgg cggaacgggt gggggttcag cagccggcgc	480
tttactggca cttcaggaac aagcggggcg tgctcgacgc actggccgaa gccatgctgg	540
cggagaaatca tacgcattcg gtgccgagag ccgacgacga ctggcgctca tttctgatcg	600
ggaatgcccg cagcttcagg caggcgctgc tcgcctaccg cgatggcgcg cgcattcatg	660
ccggcacgcg accggggcgca ccgcagatgg aaacggccga cgcgcagctt cgcttcctct	720
gcgaggcggg tttttcgcc ggggacgccg tcaatgcgct gatgacaatc agctacttca	780
ctgttggggc cgtgcttgag gagcaggccg gcgacagcga tgccggcgag cgcggcggca	840
ccgttgaaca ggctccgctc tcgccgctgt tgccggccgc gatagacgcc ttcgacgaag	900
ccggtccgga cgcagcgttc gagcaggggac tcgcggtgat tgtcgatgga ttggcgaaaa	960
ggaggctcgt tgtcaggaac gttgaaggac cgagaaaggg tgacgattga tcaggaccgc	1020

# DE 102 19 203 A 1

tgccggagcg caaccactc actacagcag agccatgtag acaacatccc ctcccccttt 1080  
 5 ccaccgcgtc agacgcccgt agcagcccgc tacgggcttt ttcattgccct gccctagcgt 1140  
 ccaagcctca cggccgcgct cggcctctct ggccgacctc tggcgctctt ccgcttcttc 1200  
 10 gctcactgac tcgctgcgct cggctcgttc gctgcggcga gcggtatcag ctactcaaa 1260  
 15 ggccgtaata cggttatcca cagaatcagg ggataacgca ggaaagaaca tgtgagcaaa 1320  
 aggccagcaa aaggccagga accgtaaaaa ggccgcgttg ctggcgtttt tccataggct 1380  
 20 ccgccccctt gacgagcatc aaaaaaatcg acgctcaagt cagaggtggc gaaacccgac 1440  
 25 aggactataa agataccagg cgtttcccc tggaaagctcc ctctgctgct ctctgttcc 1500  
 gacctgccg cttaccggat acctgtccgc ctttctccct tcgggaagcg tggcgctttt 1560  
 30 ccgctgcata acctgcttc ggggtcatta tagcgatttt ttccgtatat ccatcctttt 1620  
 35 tcgcacgata tacaggattt tgccaaaggg ttctgttaga ctttccttgg tgtatccaac 1680  
 ggctcagcc gggcaggata ggtgaagtag gccacccgc gagcgggtgt tccttcttca 1740  
 40 ctgtccctta ttgcacctg gcggtgctca acgggaatcc tgctctgca ggctggcccg 1800  
 45 ctaccgccgg cgtaacagat gagggcaagc ggatggctga tgaaaccaag ccaaccagga 1860  
 agggcagccc acctatcaag gtgtactgcc ttccagacga acgaagagcg attgaggaaa 1920  
 50 agggggcggc ggccggcatg agcctgtcgg cctacctgt ggccgtcggc cagggtaca 1980  
 55 aaatcacggg cgtcgtggac tatgagcacg tccgcgagct ggccgcctc aatggcgacc 2040  
 tgggcccctt ggccggcctg ctgaaactct ggctcaccga cgaccgcgc acggcgcggt 2100  
 60 tcggtgatgc cagatctc gccctgctgg cgaagatcga agagaagcag gacgagcttg 2160  
 65 gcaaggatcat gatgggcgtg gtccgccga ggcagagcc atgacttttt tagccgctaa 2220

# DE 102 19 203 A 1

aacggccggg ggggtgcgct gattgccaag cacgtcccca tgcgtccat caagaagagc	2280	
gacttcgcgg agctggtgaa gtacatcacc gacgagcaag gcaagaccga ggcctttgc	2340	5
gacgtcacc gggctggttg ccctcgccgc tgggtggcg gccgtctatg gccctgcaaa	2400	10
cgcgccagaa acgccgtcga agccgtgtgc gagacaccgc ggccgccggc gttgtggata	2460	
cctcgcgga aacttgcccc tctactgacag atgaggggcg gacgttgaca cttgaggggc	2520	15
cgactcacc ggccggcgct tgacagatga ggggcaggct cgatttcggc cggcgacgtg	2580	20
gagctggcca gcctcgcaaa tcggcgaaaa cgctgattt tacgcgagtt tcccacagat	2640	
gatgtggaca agcctgggga taagtgcctt gcggtattga cacttgaggg gcgcgactac	2700	25
tgacagatga ggggcgcgat ccttgacact tgaggggcag agtgctgaca gatgaggggc	2760	30
gcacctattg acatttgagg ggctgtccac aggcagaaaa tccagcattt gcaagggttt	2820	
ccgcccgttt ttccggccacc gctaacctgt cttttaacct gcttttaaac caatatttat	2880	35
aaaccttggt tttaaccagg gctgcgccct gtgcgcgtga ccgcgcacgc cgaagggggg	2940	40
tgccccccct tctcgaacct tcccggcccg ctaacgcggg cctcccatcc cccaggggc	3000	
tgcgcccctc ggccgcgaac ggctcacc caaaaatggc agcgtggca gtccttgcca	3060	45
ttgccgggat cggggcagta acgggatggg cgatcagccc gagcgcgacg cccggaagca	3120	50
ttgacgtgcc gcaggtgctg gcatcgacat tcagcgacca ggtgccgggc agtgagggcg	3180	
gcggcctggg tggcggcctg cccttcactt cggccgtcgg ggcattcacg gacttcatgg	3240	55
cggggccggc aatttttacc ttgggcattc ttggcatagt ggtcgcgggt gccgtgctcg	3300	60
tgttcggggg tgcgataaac ccagcgaacc atttgaggtg ataggtaaga ttataccgag	3360	
gtatgaaaac gagaattgga cctttacaga attactctat gaagcgccat atttaaaaag	3420	65

# DE 102 19 203 A 1

ctaccaagac gaagaggatg aagaggatga ggaggcagat tgccttgaat atattgacaa 3480

5 tactgataag ataatatatc ttttatatag aagatatcgc cgtatgtaag gatttcaggg 3540

ggcaaggcat aggcagcgcg cttatcaata tatctataga atgggcaaag cataaaaact 3600

10 tgcattggact aatgcttgaa acccaggaca ataaccttat agcttgtaaa ttctatcata 3660

15 attgggtaat gactccaact tattgatagt gttttatggt cagataatgc ccgatgactt 3720

tgtcatgcag ctccaccgat ttgagaacg acagcgactt ccgtcccagc cgtgccaggt 3780

20 gctgcctcag attcagggtta tgccgctcaa ttcgctgcgt atatcgcttg ctgattacgt 3840

25 gcagctttcc cttcaggcgg gattcataca gcggccagcc atccgctatc catatcacca 3900

cgtcaaaggg tgacagcagg ctcataagac gcccagcgt cgcctatagt cgttcaccga 3960

30 atacgtgcgc aacaaccgtc ttccggagac tgtcatagc gtaaaacagc cagcgctggc 4020

35 gcgatttagc cccgacatag cccactggt cgtccatttc cgcgcagacg atgacgtcac 4080

tgcccggtg tatgcgcgag gttaccgact gcggcctgag ttttttaagt gacgtaaaat 4140

40 cgtgttgagg ccaacgcca taatgcgggc tgttgcccgg catccaacgc cattcatggc 4200

catatcaatg attttctggt gcgtaccggg ttgagaagcg gtgtaagtga actgcagttg 4260

45 ccatgtttta cggcagtgag agcagagata gcgctgatgt ccggcggtgc ttttgccgtt 4320

50 acgcaccacc ccgtcagtag ctgaacagga gggacagctg atagacacag aagccactgg 4380

55 agcacctcaa aaacaccatc atacactaaa tcagtaagtt ggcagcatca ccataattg 4440

tggtttcaa atcggctccg tcgatactat gttatagcc aactttgaaa acaactttga 4500

60 aaaagctggt ttctgggtatt taaggtttta gaatgcaagg aacagtgaat tggagttcgt 4560

65 cttgttataa ttagcttctt ggggtatctt taaatactgt agaaaagagg aaggaaataa 4620



# DE 102 19 203 A 1

taaatggcta aatgagaat atcaccggaa ttgaaaaaac tgatcgaaaa ataccgctgc	4680	
gtaaaagata cggaaggaat gtctcctgct aaggtatata agctgggtggg agaaaatgaa	4740	5
aacctatatt taaaaatgac ggacagccgg tataaaggga ccacctatga tgtggaacgg	4800	
gaaaaggaca tgatgctatg gctggaagga aagctgcctg ttccaaaggt cctgcacttt	4860	10
gaacggcatg atggctggag caatctgctc atgagtgagg ccgatggcgt cctttgctcg	4920	15
gaagagtatg aagatgaaca aagccctgaa aagattatcg agctgtatgc ggagtgcac	4980	
aggctctttc actccatcga catatcggat tgtccctata cgaatagctt agacagccgc	5040	20
ttagccgaat tggattactt actgaataac gatctggccg atgtggattg cgaaaactgg	5100	25
gaagaagaca ctccatttaa agatccgcgc gagctgtatg attttttaa gacggaaaag	5160	
cccgaagagg aacttgtctt ttcccacggc gacctgggag acagcaacat ctttgtgaaa	5220	30
gatggcaaag taagtggctt tattgatctt gggagaagcg gcagggcgga caagtggat	5280	35
gacattgcct tctgcgtccg gtcgatcagg gaggatatcg gggaagaaca gtatgtcgag	5340	
ctatTTTTTg acttactggg gatcaagcct gattgggaga aaataaaata ttatatTTTa	5400	40
ctggatgaat tgTTTTtagta cctagatgtg gcgcaacgat gccggcgaca agcaggagcg	5460	45
caccgacttc ttccgcatca agtgTTTTgg ctctcaggcc gaggcccacg gcaagtattt	5520	
gggcaagggg tcgctggat tctgtcaggg caagattcgg aataccaagt acgagaagga	5580	50
cggccagacg gtctacggga ccgacttcat tgccgataag gtggattatc tggacaccaa	5640	55
ggcaccaggc gggTcaaTc aggaataagg gcacattgcc ccggcgtgag tcggggcaat	5700	
cccgaagga gggTgaatga atcggacgtt tgaccggaag gcatacaggc aagaactgat	5760	60
cgacgcgggg ttttccgccg aggatgccga aaccatcgca agccgcaccg tcatgcgtgc	5820	65

# DE 102 19 203 A 1

gccccgcgaa accttccagt ccgtcggctc gatgggtccag caagctacgg ccaagatcga 5880  
 5 gcgcgacagc gtgcaactgg ctccccctgc cctgcccgcg ccatcggccg ccgtggagcg 5940  
 ttcgcgtcgt ctgcaacagg aggcggcagg tttggcgaag tcgatgacca tcgacacgcg 6000  
 10 aggaactatg acgaccaaga agcgaaaaac cgccggcgag gacctggcaa aacaggtcag 6060  
 15 cgaggccaag caggccgcgt tgctgaaaca cacgaagcag cagatcaagg aaatgcagct 6120  
 ttccttggtc gatattgcgc cgtggccgga cacgatgcga gcgatgcaa acgacacggc 6180  
 20 ccgctctgcc ctgttcacca cgcgcaacaa gaaaatcccg cgcgaggcgc tgcaaaacaa 6240  
 25 ggtcattttc cacgtcaaca aggacgtgaa gatcacctac accggcgctcg agctgcgggc 6300  
 cgacgatgac gaactgggtg ggcagcaggt gttggagtac gcgaagcgca cccctatcgg 6360  
 30 cgagccgatc accttcacgt tctacgagct ttgccaggac ctgggctggt cgatcaatgg 6420  
 35 ccggtattac acgaaggccg aggaatgcct gtcgcgccta caggcgacgg cgatgggctt 6480  
 cacgtccgac cgcgttgggc acctggaatc ggtgtcgtg ctgcaccgct tccgcgtcct 6540  
 40 ggaccgtggc aagaaaacgt cccgttgcca ggtcctgatc gacgaggaaa tcgtcgtgct 6600  
 45 gtttgctggc gaccactaca cgaaattcat atgggagaag taccgcaagc tgtcgccgac 6660  
 ggcccgcagg atgttcgact atttcagctc gcaccgggag ccgtaccgc tcaagctgga 6720  
 50 aaccttcgc ctcatgtgc gatcggattc caccgcgtg aagaagtggc gcgagcaggt 6780  
 55 cggcgaagcc tgcgaagagt tgcgaggcag cggcctggtg gaacacgcct gggatcaatga 6840  
 tgacctggtg cattgcaaac gctagggcct tgtggggtca gttccggctg ggggttcagc 6900  
 60 agccagcgct ttactggcat ttcaggaaca agcgggcact gtcgacgca cttgcttcgc 6960  
 65 tcagtatcgc tcgggacgca cggcgcgctc tacgaactgc cgataaacag aggattaaaa 7020

# DE 102 19 203 A 1

ttgacaattg tgattaaggc tcagattcga cggcttggag cggccgacgt gcaggatttc 7080  
 cgcgagatcc gattgtcggc cctgaagaaa gctccagaga tggtcgggtc cgtttacgag 7140 5  
 cacgaggaga aaaagcccat ggaggcgttc gctgaacggt tgcgagatgc cgtggcattc 7200  
 ggcgctaca tcgacggcga gatcattggg ctgtcgggtc tcaaacagga ggacggcccc 7260 10  
 aaggacgtc acaaggcgca tctgtccggc gttttcgtgg agcccgaaca gcgaggccga 7320 15  
 ggggtcgcgc gtatgctgct gcgggcgttg ccggcgggtt tattgctcgt gatgatcgtc 7380  
 cgacagattc caacgggaat ctggtggatg cgcattctca tctcggcgc acttaatat 7440 20  
 tcgctattct ggagcttggt gtttatttcg gtctaccgcc tgccgggcgg ggtcgcggcg 7500 25  
 acggtaggcg ctgtgcagcc gctgatggc gtgttcattc ctgccgtct gctaggtagc 7560  
 ccgatacgat tgatggcggc cctgggggct atttgcgga ctgcgggcgt ggcgctgttg 7620 30  
 gtgttgacac caaacgcagc gctagatcct gtcggcgtcg cagcgggcct ggcgggggcg 7680 35  
 gtttccatgg cgttcggaac cgtgctgacc cgcaagtggc aacctccgt gcctctgctc 7740  
 acctttaccg cctggcaact ggcgcccgga ggacttctgc tcgttcagc agcttttagtg 7800 40  
 tttgatccgc caatcccgat gcctacagga accaatgttc tcggcctggc gtggctcggc 7860 45  
 ctgatcggag cgggtttaac ctacttcctt tggttccggg ggatctcgcg actcgaacct 7920  
 acagttgttt ccttactggg ctttctcagc ccagatctg ggtcgcgca gccggggatg 7980 50  
 catcaggccg acagtcggaa cttcgggtcc ccgacctgta ccattcgggt agcaatggat 8040 55  
 aggggagttg atatcgtcaa cgttcacttc taaagaaata gcgccactca gcttcctcag 8100  
 cggctttatc cagcgatttc ctattatgtc ggcatagttc tcaagatcga cagcctgtca 8160 60  
 cggttaagcg agaaatgaat aagaaggctg ataattcgga tctctgcgag ggagatgata 8220 65

# DE 102 19 203 A 1

tttgatcaca ggcagcaacg ctctgtcatc gttacaatca acatgctacc ctccgcgaga 8280  
 5 tcatccgtgt ttcaaaccg gcagcttagt tgccgttctt ccgaatagca tcggtaacat 8340  
 gagcaaagtc tgccgcctta caacggctct cccgctgacg ccgtcccga ctgatgggct 8400  
 10 gcctgtatcg agtgggtgatt ttgtgccgag ctgccggctg gggagctggt ggctgggctgg 8460  
 15 tggcaggata tattgtgggtg taaacaaatt gacgcttaga caacttaata acacattgcg 8520  
 gacgttttta atgtactggg gtgggttttct ttttcaccag tgagacgggc aacagctgat 8580  
 20 tgcccttcac cgcttgccc tgagagagtt gcagcaagcg gtccacgctg gtttgcccca 8640  
 25 gcaggcgaaa atcctgtttg atgggtgggtc cgaaatcggc aaaatccctt ataaatcaaa 8700  
 agaatagccc gagatagggg tgagtgttgt tccagtttgg aacaagagtc cactattaaa 8760  
 30 gaacgtggac tccaacgtca aagggcgaaa aaccgtctat cagggcgatg gccactacg 8820  
 35 tgaaccatca cccaaatcaa gttttttggg gtcgaggtgc cgtaaagcac taaatcggaa 8880  
 ccctaaaggg agccccgat ttagagcttg acggggaaaag ccggcgaacg tggcgagaaa 8940  
 40 ggaaggggaag aaagcgaaag gagcggggcg cattcaggct gcgcaactgt tgggaagggc 9000  
 45 gatcggtgcg ggcctcttcg ctattacgcc agctggcgaa agggggatgt gctgcaaggc 9060  
 gattaagttg ggtaacgcca gggttttccc agtcacgacg ttgtaaaacg acggccagtg 9120  
 50 aattaattcc catcttgaaa gaaatatagt ttaaataatt attgataaaa taacaagtca 9180  
 55 ggtattatag tccaagcaaa aacataaatt tattgatgca agtttaaatt cagaaatatt 9240  
 tcaataactg attatatcag ctggtagatt gccgtagatg aaagactgag tgcgatatta 9300  
 60 tgtgtaatac ataaattgat gatatagcta gcttagctca tcgggggatc cgtcgaagct 9360  
 65 agcttgggtc ccgctcagaa gaactcgtca agaaggcgat agaaggcgat gcgctgcgaa 9420

# DE 102 19 203 A 1

tcgggagcgg cgataccgta aagcacgagg aagcggtcag cccattcgcc gccaaagtct 9480	
tcagcaatat cacgggtagc caacgctatg tcctgatagc ggtccgccac acccagccgg 9540	5
ccacagtcga tgaatccaga aaagcggcca tttccacca tgatattcgg caagcaggca 9600	
tcgccatggg tcacgacgag atcctcgccg tcgggcatgc gcgccttgag cctggcgaac 9660	10
agttcggctg gcgcgagccc ctgatgctct tcgtccagat catcctgac gacaagaccg 9720	15
gcttccatcc gagtacgtgc tcgctcgatg cgatgtttcg cttggtggtc gaatgggcag 9780	
gtagccggat caagcgtatg cagccgccgc attgcatcag ccatgatgga tactttctcg 9840	20
gcaggagcaa ggtgagatga caggagatcc tgccccggca cttcgcccaa tagcagccag 9900	25
tcccttcccg cttcagtgac aacgtcgagc acagctgcgc aaggaacgcc cgtcgtggcc 9960	
agccacgata gccgcgctgc ctcgtcctgc agttcattca gggcacccga caggtcggtc 10020	30
ttgacaaaaa gaaccgggcg cccctgcgct gacagccgga acacggcggc atcagagcag 10080	35
ccgattgtct gttgtgcccc gtcatagccg aatagcctct ccaccaagc ggccggagaa 10140	
cctgcgtgca atccatcttg ttcaatccaa gctcccatgg gccctcgact agagtcgaga 10200	40
tctggattga gagtgaatat gagactctaa ttggataccg aggggaattt atggaacgtc 10260	45
agtggagcat ttttgacaag aaatatttgc tagctgatag tgacctagg cgacttttga 10320	
acgcgcaata atggtttctg acgtatgtgc ttagctcatt aaactccaga aaccgcggc 10380	50
tgagtggctc cttcaacgtt gcggttctgt cagttccaaa cgtaaacgg cttgtccccg 10440	55
gtcatcggcg ggggtcataa cgtgactccc ttaattctcc gtcatgac ttgatccct 10500	
gcgccatcag atccttggcg gcaagaaagc catccagttt actttgcagg gcttcccaac 10560	60
cttaccagag ggcgccccag ctggcaattc cggttcgctt gctgtccata aaaccgcca 10620	65

# DE 102 19 203 A 1

gtctagctat cgccatgtaa gccactgca agctacctgc tttctctttg cgcttgcggt 10680

5 ttccttctgc cagatagccc agtagctgac attcatccgg ggtcagcacc gtttctgcgg 10740

actggctttc tacgtgttcc gcttccttta gcagcccttg cgccctgagt gcttgcgcca 10800

10 gcgtgaagct tgcattgcctg caggctgacg gcgcgccgag ctctctgagc aaatttacac 10860

15 attgccacta aacgtctaaa cccttgtaat ttgtttttgt tttactatgt gtgttatgta 10920

tttgatttgc gataaatttt tatatttggg actaaattta taacaccttt tatgctaagc 10980

20 tttgccaaca cttagcaatt tgcaagttga ttaattgatt ctaaattatt tttgtcttct 11040

aaatacatat actaatcaac tggaaatgta aatatttgct aatatttcta ctataggaga 11100

25 attaaagtga gtgaatatgg taccacaagg tttggagatt taattgttgc aatgctgcat 11160

30 ggatggcata tacaccaaac attcaataat tcttgaggat aataatggta ccacacaaga 11220

35 tttgaggtgc atgaacgtca cgtggacaaa aggttttagta atttttcaag acaacaatgt 11280

taccacacac aagttttgag gtgcatgcat ggatgccctg tggaaagttt aaaaatattt 11340

40 tggaaatgat ttgcatggaa gccatgtgta aaaccatgac atccacttgg aggatgcaat 11400

aatgaagaaa actacaaatt tacatgcaac tagttatgca tgtagtctat ataatgagga 11460

45 ttttgcaata ctttcattca tacacactca ctaagtttta cagattata atttcttcat 11520

50 agccagccca ccgcgggtggg cggccgcctg cagtctagaa ggcctcctgc tttaatgaga 11580

tatgcgagac gcctatgac gcatgatatt tgctttcaat tctgttgtgc acgttgtaaa 11640

55 aaacctgagc atgtgtagct cagatcctta ccgcgggttt cggttcattc taatgaatat 11700

60 atcacccgtt actatcgat ttttatgaat aatattctcc gttcaattta ctgattgtcc 11760

65 gtcgagcaaa tttacacatt gccactaaac gtctaaaccc ttgtaatttg tttttgtttt 11820

# DE 102 19 203 A 1

actatgtgtg ttatgtattt gatttgcgat aaatttttat atttgggtact aaatttataa 11880	
caccttttat gctaacgttt gccaacactt agcaatttgc aagttgatta attgattcta 11940	5
aattattttt gtcttctaaa tacatatact aatcaactgg aaatgtaaatt atttgctaatt 12000	
atttctacta taggagaatt aaagtgagtg aatatggtac cacaaggttt ggagatttaa 12060	10
ttgttgcaat gctgcatgga tggcatatac accaaacatt caataattct tgaggataat 12120	15
aatggtacca cacaagattt gaggtgcatg aacgtcacgt ggacaaaagg tttagtaatt 12180	
tttcaagaca acaatgttac cacacacaag ttttgaggtg catgcatgga tgccctgtgg 12240	20
aaagtttaaa aatatttttg aaatgatttg catggaagcc atgtgtaaaa ccatgacatc 12300	25
cacttgagg atgcaataat gaagaaaact acaaatttac atgcaactag ttatgcatgt 12360	
agtctatata atgaggattt tgcaatactt tcattcatac acactcacta agttttacac 12420	30
gattataatt tcttcatagc cagcggatcc gatatcgggc ccgctagcgt taaccctgct 12480	35
ttaatgagat atgagagacg cctatgatcg catgatattt gctttcaatt ctgttgtgca 12540	
cgttgtaaaa aacctgagca tgtgtagctc agatccttac cgccggttc gggtcattct 12600	40
aatgaatata tcacccgtta ctatcgtatt tttatgaata atattctccg ttcaatttac 12660	45
tgattgtccg tcgagcaaat ttacacattg ccaactaaacg tctaaaccct tgtaatttgt 12720	
ttttgtttta ctatgtgtgt tatgtatttg atttgcgata aatttttata tttgggtacta 12780	50
aatttataac accttttatg ctaacgtttg ccaacactta gcaatttgca agttgattaa 12840	55
ttgattctaa attatttttg tcttctaaat acatatacta atcaactgga aatgtaaata 12900	
tttgctaata tttctactat aggagaatta aagtgagtga atatggtacc acaaggtttg 12960	60
gagatttaatt tgttgcaatg ctgcatggat ggcatataca ccaaaccatc aataattctt 13020	65

# DE 102 19 203 A 1

gaggataata atggtaccac acaagatttg aggtgcatga acgtcacgtg gacaaaaggt 13080

5 ttagtaattt ttcaagacaa caatgttacc acacacaagt ttgaggtgc atgcatggat 13140

gccctgtgga aagtttaaaa atattttgga aatgatttgc atggaagcca tgtgtaaaac 13200

10 catgacatcc acttggagga tgcaataatg aagaaaacta caaatttaca tgcaactagt 13260

15 tatgcatgta gtctatataa tgaggatttt gcaatacttt cattcataca cactcactaa 13320

gttttacacg attataattt cttcatagcc agcagatctg ccggcatcga tcccggggcca 13380

20 tggcctgctt taatgagata tgcgagacgc ctatgatcgc atgatatttg ctttcaattc 13440

25 tgttgtgcac gttgtaaaaa acctgagcat gtgtagctca gatccttacc gccggtttcg 13500

gttcattcta atgaatatat caccogttac tatcgtattt ttatgaataa tattctccgt 13560

30 tcaatttact gattgtccgt cgacgagctc ggcgcgccctc tagaggatcg atgaattcag 13620

35 atcggctgag tggctccttc aacgttgccg ttctgtcagt tccaaacgta aaacggcttg 13680

tcccgcgtca tcggcggggg tcataacgtg actcccttaa ttctccgctc atgatcagat 13740

40 tgtcgtttcc cgccttcagt ttaaactatc agtgtttgac aggatatatt ggcgggtaaa 13800

45 cctaagagaa aagagcgttt attagaataa tcggatatatt aaaagggcgt gaaaagggtt 13860

atccttcgtc catttgtatg tgcattgcca ccacagggtt cccca 13905

50

<210> 43

<211> 15430

55

<212> DNA

<213> Unknown

60

<220>

<223> pflanz. Expressionsvektor mit zwei Promotor-  
Terminator-Expressionskassetten inseriert ist

65



# DE 102 19 203 A 1

Physcomitrella patens Elongase und Desaturase

<220>	5
<221> CDS	
<222> (11543)..(12415)	
	10
<220>	
<221> CDS	
<222> (13313)..(14890)	15
<400> 43	
gatctggcgc cggccagcga gacgagcaag attggccgcc gcccgaaacg atccgacagc 60	20
gcgcccagca caggtgcgca ggcaaattgc accaacgcat acagcgccag cagaatgccca 120	
tagtggggcgg tgacgtcggt cgagtgaacc agatcgcgca ggaggcccg cagcaccggc 180	25
ataatcaggc cgatgccgac agcgtcgagc gcgacagtgc tcagaattac gatcaggggt 240	30
atgttgggtt tcacgtctgg cctccggacc agcctccgct ggtccgattg aacgcgcgga 300	
ttctttatca ctgataagtt ggtggacata ttatgtttat cagtgataaa gtgtcaagca 360	35
tgacaaagtt gcagccgaat acagtgatcc gtgccgccct ggacctgttg aacgaggtcg 420	40
gcgtagacgg tctgacgaca cgcaaactgg cggaacgggt ggggggttcag cagccggcgc 480	
tttactggca cttcaggaac aagcggggcg tgctcgacgc actggccgaa gccatgctgg 540	45
cggagaaatca tacgcattcg gtgccgagag ccgacgacga ctggcgctca tttctgatcg 600	50
ggaatgcccg cagcttcagg caggcgctgc tcgcctaccg cgatggcgcg cgcattccatg 660	
ccggcacgcg accggggcgca ccgcagatgg aaacggccga cgcgagctt cgcttcctct 720	55
gcgaggcggg tttttcggcc ggggacgccg tcaatgcgct gatgacaatc agctacttca 780	60
ctgttggggc cgtgcttgag gagcaggccg gcgacagcga tgccggcgag cgcggcggca 840	
ccgttgaaca ggctccgctc tcgccgctgt tgccggccgc gatagacgcc ttcgacgaag 900	65

# DE 102 19 203 A 1

ccggtccgga cgcagcggtc gagcagggac tcgcggtgat tgcgatgga ttggcgaaaa 960  
 5 ggaggctcgt tgcaggaac gttgaaggac cgagaaaggg tgacgattga tcaggaccgc 1020  
 tgccggagcg caaccactc actacagcag agccatgtag acaacatccc ctcccccttt 1080  
 10 ccaccgcgtc agacgcccgt agcagcccgc tacgggcttt ttcatgccct gccctagcgt 1140  
 15 ccaagcctca cggccgcgct cggcctctct ggccgccttc tggcgctctt ccgcttcctc 1200  
 gctcactgac tcgctgcgct cggtcgttcg gctgcggcga gcggtatcag ctactcaaa 1260  
 20 ggccgtaata cggttatcca cagaatcagg ggataacgca ggaaagaaca tgtgagcaaa 1320  
 25 aggccagcaa aaggccagga accgtaaaaa ggccgcgttg ctggcgtttt tccataggct 1380  
 ccgccccct gacgagcatc aaaaaatcg acgctcaagt cagaggtggc gaaacccgac 1440  
 30 aggactataa agataccagg cgtttcccc tggaagctcc ctctgctgct ctctgttcc 1500  
 35 gaccctgccg cttaccggat acctgtccgc ctttctccct tcgggaagcg tggcgctttt 1560  
 ccgctgcata accctgcttc ggggtcatta tagcgatttt ttccgtatat ccatcctttt 1620  
 40 tcgcacgata tacaggattt tgcaaaggg ttcgtgtaga ctttccttgg tgtatccaac 1680  
 45 ggcgtcagcc gggcaggata ggtgaagtag gccacccgc gagcgggtgt tccttcttca 1740  
 ctgtccctta ttgcacctg gcggtgctca acgggaatcc tgctctgca ggctggccgg 1800  
 50 ctaccgccgg cgtaacagat gagggcaagc ggatggctga tgaaaccaag ccaaccagga 1860  
 55 agggcagccc acctatcaag gtgtactgcc ttccagacga acgaagagcg attgaggaaa 1920  
 aggcggcggc ggccggcatg agcctgtcgg cctacctgct ggccgtcggc cagggtaca 1980  
 60 aaatcacggg cgctgtggac tatgagcacg tccgcgagct ggccgcacac aatggcgacc 2040  
 65 tgggcgcctt ggccggcctg ctgaaactct ggctcaccga cgaccgcgc acggcgcggt 2100

# DE 102 19 203 A 1

tcggtgatgc caccatcctc gccctgctgg cgaagatcga agagaagcag gacgagcttg	2160	
gcaaggtcat gatgggcgtg gtccgcccga gggcagagcc atgacttttt tagccgctaa	2220	5
aacggccggg ggggtgcgct gattgccaag cacgtcccca tgcgctccat caagaagagc	2280	
		10
gacttcgagg agctgggtgaa gtacatcacc gacgagcaag gcaagaccga gcgcctttgc	2340	
gacgctcacc gggctggttg ccctcgccgc tgggctggcg gccgtctatg gccctgcaaa	2400	15
cgcgccagaa acgccgtcga agccgtgtgc gagacaccgc ggccgcccgc gttgtggata	2460	
		20
cccgccggaa aacttggccc tcaactgacag atgaggggag gacgttgaca cttgaggggc	2520	
cgactcacc gccgcggcgt tgacagatga ggggcaggct cgatttcggc cggcgacgtg	2580	25
gagctggcca gcctcgcaaa tcggcgaaaa cgcctgattt tacgcgagtt tcccacagat	2640	
		30
gatgtggaca agcctgggga taagtgcctt gcggtattga cacttgaggg gcgcgactac	2700	
tgacagatga ggggcgcgat ccttgacact tgaggggcag agtgctgaca gatgaggggc	2760	35
gcacctattg acatttgagg ggctgtccac aggcagaaaa tccagcattt gcaaggggtt	2820	
		40
ccgcccgttt ttccggccacc gctaacctgt cttttaacct gcttttaaac caatatttat	2880	
aaaccttgtt ttaaccagg gctgcgccct gtgcgcgtga ccgcgcacgc cgaagggggg	2940	45
tgccccccct tctcgaacct tcccggcccg ctaacgcggg cctcccatcc ccccaggggc	3000	
		50
tgcgcccctc ggccgcgaac ggctcacc caaaaatggc agcgctggca gtccttgcca	3060	
ttgccgggat cggggcagta acgggatggg cgatcagccc gagcgcgacg cccggaagca	3120	55
ttgacgtgcc gcaggtgctg gcatcgacat tcagcgacca ggtgccgggc agtgagggcg	3180	
		60
gcggcctggg tggcggcctg cccttcactt cggccgtcgg ggcattcacg gacttcatgg	3240	
cggggcccgc aatttttacc ttgggcattc ttggcatagt ggtcgcggtt gccgtgctcg	3300	65

# DE 102 19 203 A 1

tggttcggggg tgcgataaac ccagcgaacc atttgaggtg ataggtaaga ttataccgag 3360  
 5 gtatgaaaac gagaattgga cctttacaga attactctat gaagcgccat atttaaaaag 3420  
 ctaccaagac gaagaggatg aagaggatga ggaggcagat tgccttgaat atattgacaa 3480  
 10 tactgataag ataatatatc ttttatatag aagatatcgc cgtatgtaag gatttcaggg 3540  
 15 ggcaaggcat aggcagcgcg cttatcaata tatctataga atgggcaaag cataaaaact 3600  
 tgcattggact aatgcttgaa acccaggaca ataaccttat agcttgtaaa ttctatcata 3660  
 20 attgggtaat gactccaact tattgatagt gttttatgtt cagataatgc ccgatgactt 3720  
 25 tgtcatgcag ctccaccgat tttgagaacg acagcgactt ccgtcccagc cgtgccaggt 3780  
 gctgcctcag attcagggtta tgccgctcaa ttcgctgcgt atatcgcttg ctgattacgt 3840  
 30 gcagctttcc cttcaggcgg gattcataca gcggccagcc atccgtcatc catatcacca 3900  
 35 cgtcaaaggg tgacagcagg ctcataagac gcccagcgt cgccatagt cgttcaccga 3960  
 atacgtgcgc aacaaccgtc ttccggagac tgtcatacgc gtaaaacagc cagcgctggc 4020  
 40 gcgatttagc cccgacatag cccactgtt cgtccatttc cgcgcagacg atgacgtcac 4080  
 45 tgcccggctg tatgcgcgag gttaccgact gcggcctgag ttttttaagt gacgtaaaat 4140  
 cgtgttgagg ccaacgcca taatgcgggc tgttgcccgg catccaacgc cattcatggc 4200  
 50 catatcaatg attttctggg gcgtaccggg ttgagaagcg gtgtaagtga actgcagttg 4260  
 55 ccatgtttta cggcagtgag agcagagata gcgctgatgt ccggcggtgc ttttgccgtt 4320  
 acgcaccacc ccgtcagtag ctgaacagga gggacagctg atagacacag aagccactgg 4380  
 60 agcacctcaa aaacaccatc atacactaaa tcagtaagtt ggcagcatca ccataattg 4440  
 65 tggtttcaaa atcgggtccg tcgatactat gttatacgcc aactttgaaa acaactttga 4500

# DE 102 19 203 A 1

aaaagctgtt ttctggtatt taaggtttta gaatgcaagg aacagtgaat tggagttcgt	4560	
cttgttataa ttagcttctt ggggtatctt taaatactgt agaaaagagg aaggaaataa	4620	5
taaatggcta aaatgagaat atcacccgaa ttgaaaaaac tgatcgaaaa ataccgctgc	4680	
gtaaaagata cggaaggaat gtctcctgct aaggtatata agctggtggg agaaaatgaa	4740	10
aacctatatt taaaaatgac ggacagccgg tataaaggga ccacctatga tgtggaacgg	4800	15
gaaaaggaca tgatgctatg gctggaagga aagctgcctg ttccaaaggt cctgcacttt	4860	
gaacggcatg atggctggag caatctgctc atgagtgagg ccgatggcgt cctttgctcg	4920	20
gaagagtatg aagatgaaca aagccctgaa aagattatcg agctgtatgc ggagtgcac	4980	25
aggctctttc actccatcga catatcggat tgtccctata cgaatagctt agacagccgc	5040	
ttagccgaat tggattactt actgaataac gatctggccg atgtggattg cgaaaactgg	5100	30
gaagaagaca ctccatttaa agatccgcgc gagctgtatg attttttaaa gacggaaaag	5160	35
cccgaagagg aacttgtctt ttcccacggc gacctgggag acagcaacat ctttgtgaaa	5220	
gatggcaaag taagtggctt tattgatctt gggagaagcg gcagggcgga caagtggat	5280	40
gacattgcct tctgcgtccg gtcgatcagg gaggatatcg gggaagaaca gtatgtcgag	5340	45
ctatTTTTTg acttactggg gatcaagcct gattgggaga aaataaaata ttatatttta	5400	
ctggatgaat tgTTTTtagta cctagatgtg gcgcaacgat gccggcgaca agcaggagcg	5460	50
caccgacttc ttccgcatca agtgTTTTgg ctctcaggcc gaggcccacg gcaagtattt	5520	55
gggcaagggg tcgctggat tcgtgcaggg caagattcgg aataccaagt acgagaagga	5580	
cgccagacg gtctacggga ccgaattcat tgccgataag gtggattatc tggacaccaa	5640	60
ggcaccaggc gggTcaaTc aggaataagg gcacattgcc ccggcgtgag tcggggcaat	5700	65

# DE 102 19 203 A 1

cccgcaagga gggatgaatga atcggacgtt tgaccggaag gcatacaggc aagaactgat 5760  
 5 cgacgcgggg ttttccgccg aggatgccga aaccatcgca agccgcaccg tcatgcgtgc 5820  
 gccccgcgaa accttccagt ccgtcggctc gatgggtccag caagctacgg ccaagatcga 5880  
 10 gcgcgacagc gtgcaactgg ctccccctgc cctgcccgcg ccatcggccg ccgtggagcg 5940  
 15 ttgcgctcgt ctgcaacagg aggcggcagg ttggcggaag tcgatgacca tcgacacgcg 6000  
 aggaactatg acgaccaaga agcgaaaaac cgccggcgag gacctggcaa aacaggtcag 6060  
 20 cgaggccaag caggccgcgt tgctgaaaca cacgaagcag cagatcaagg aatgcagct 6120  
 25 ttccttggtc gatattgcgc cgtggccgga cacgatgca gcatgcca aacacacggc 6180  
 ccgctctgcc ctgttcacca cgcgcaacaa gaaaatccg cgcgaggcgc tgcaaaacaa 6240  
 30 ggtcattttc cacgtcaaca aggacgtgaa gatcacctac accggcgctc agctgcgggc 6300  
 35 cgacgatgac gaactgggtg ggcagcaggt gttggagtac gcgaagcgca cccctatcgg 6360  
 cgagccgatc accttcacgt tctacgagct ttgccaggac ctgggctggt ccatcaatgg 6420  
 40 ccggtattac acgaaggccg aggaatgcct gtcgcgccta caggcgacgg cgatgggctt 6480  
 45 cacgtccgac cgcgttgggc acctggaatc ggtgtcgtg ctgcaccgt tccgcgtcct 6540  
 ggaccgtggc aagaaaacgt cccgttgcca ggtcctgatc gacgaggaaa tcgtcgtgct 6600  
 50 gtttgctggc gaccactaca cgaaattcat atgggagaag taccgcaagc tgtcgccgac 6660  
 ggcccgacgg atgttcgact atttcagctc gcaccgggag ccgtaccgc tcaagctgga 6720  
 55 aaccttcgc ctcatgtcg gatcggattc caccgcgtg aagaagtggc gcgagcaggt 6780  
 60 cggcgaagcc tgcaagagt tgcgaggcag cggcctggtg gaacacgcct gggatcaatga 6840  
 tgacctggtg cattgcaaac gctagggcct tgtggggtca gttccggctg ggggttcagc 6900  
 65

# DE 102 19 203 A 1

agccagcgct ttactggcat ttcaggaaca agcgggcact gctcgacgca cttgcttcgc	6960	
tcagtatcgc tcgggacgca cggcgcgctc tacgaactgc cgataaacag aggattaaaa	7020	5
ttgacaattg tgattaaggc tcagattcga cggcttggag cggccgacgt gcaggatttc	7080	
cgcgagatcc gattgtcggc cctgaagaaa gctccagaga tgttcgggtc cgtttacgag	7140	10
cacgaggaga aaaagcccat ggaggcggtc gctgaacggt tgcgagatgc cgtggcattc	7200	15
ggcgccctaca tcgacggcga gatcattggg ctgtcggctc tcaaacagga ggacggcccc	7260	
aaggacgctc acaaggcgca tctgtccggc gttttcgtgg agcccgaaca gcgaggccga	7320	20
ggggtcgccg gtatgctgct gcgggcgttg ccggcgggtt tattgctcgt gatgatcgtc	7380	25
cgacagattc caacgggaat ctggtggatg cgcattctca tctcggcgc acttaatat	7440	
tcgctattct ggagcttggt gtttatttcg gtctaccgcc tgccgggcgg ggtcgcggcg	7500	30
acggtaggcg ctgtgcagcc gctgatggtc gtgttcatct ctgccgtct gctaggtagc	7560	35
ccgatacgat tgatggcggt cctgggggct atttgcgga ctgcgggcgt ggcgctgttg	7620	
gtgttgacac caaacgcagc gctagatcct gtcggcgctc cagcgggcct ggcgggggcg	7680	40
gtttccatgg cgttcggaac cgtgctgacc cgcaagtggc aacctccgt gcctctgctc	7740	45
acctttaccg cctggcaact ggcggccgga ggacttctgc tcgttcagat agcttttagtg	7800	
tttgatccgc caatcccgat gcctacagga accaatgttc tcggcctggc gtggctcggc	7860	50
ctgatcggag cgggtttaac ctacttcctt tggttcggg ggatctcgc actcgaacct	7920	55
acagttgttt cttactggg ctttctcagc ccagatctg gggtcgatca gccggggatg	7980	
catcaggccg acagtcggaa cttcgggtcc ccgacctgta ccattcgggt agcaatggat	8040	60
aggggagttg atatcgtcaa cgttcacttc taaagaaata gcgccactca gcttcctcag	8100	65

# DE 102 19 203 A 1

cggttttata cagcgatttc ctattatgtc ggcatagttc tcaagatcga cagcctgtca 8160  
5 cggttaagcg agaaatgaat aagaaggctg ataattcgga tctctgcgag ggagatgata 8220  
tttgatcaca ggcagcaacg ctctgtcatc gttacaatca acatgctacc ctccgcgaga 8280  
10 tcatccgtgt ttcaaaccgg gcagcttagt tgccgttctt ccgaatagca tcggtaacat 8340  
15 gagcaaagtc tgccgcctta caacggctct cccgctgacg ccgtcccga ctgatgggct 8400  
gcctgtatcg agtggtgatt ttgtgccgag ctgccggctg gggagctggt ggctggctgg 8460  
20 tggcaggata tatttggtg taaacaaatt gacgcttaga caacttaata acacattgcg 8520  
25 gacgttttta atgtactggg gtgggttttc ttttcaccag tgagacgggc aacagctgat 8580  
tgcccttcac cgcttggccc tgagagagtt gcagcaagcg gtccacgctg gtttgcccca 8640  
30 gcaggcgaat atcctgtttg atggtggttc cgaaatcggc aaaatccctt ataatcaaa 8700  
35 agaatagccc gagatagggg tgagtgttgt tccagtttgg aacaagagtc cactattaa 8760  
gaacgtggac tccaacgtca aagggcgaaa aaccgtctat cagggcgatg gccactacg 8820  
40 tgaaccatca cccaaatcaa gttttttggg gtcgaggtgc cgtaaagcac taaatcgga 8880  
45 ccctaaaggg agccccgat ttagagcttg acggggaaag ccggcgaacg tggcgagaaa 8940  
ggaaggggaag aaagcgaaa gagcggggcg cattcaggct gcgcaactgt tgggaagggc 9000  
50 gatcgggtgc ggctcttcg ctattacgc agctggcgaa agggggatgt gctgcaaggc 9060  
55 gattaagttg ggtaacgcca gggttttccc agtcacgacg ttgtaaaacg acggccagt 9120  
aattaattcc catcttgaat gaaatatagt ttaaataatt attgataaaa taacaagtca 9180  
60 ggtattatag tccaagcaaa aacataaatt tattgatgca agtttaaatt cagaaatatt 9240  
tcaataactg attatatcag ctggtacatt gccgtagatg aaagactgag tgcgatatta 9300  
65



# DE 102 19 203 A 1

tgtgtaatac ataaattgat gatatagcta gcttagctca tcgggggata cgtcgaagct	9360	
agcttgggtc ccgctcagaa gaactcgtca agaaggcgat agaaggcgat gcgctgcgaa	9420	5
tcgggagcgg cgataccgta aagcacgagg aagcggtcag cccattcgcc gccaagctct	9480	
tcagcaatat cacgggtagc caacgctatg tcctgatagc ggtccgccac acccagccgg	9540	10
ccacagtcga tgaatccaga aaagcggcca tttccacca tgatattcgg caagcaggca	9600	15
tcgccatggg tcacgacgag atcctcgccg tcgggcatgc gcgccttgag cctggcgaac	9660	
agttcggtg gcgcgagccc ctgatgctct tcgtccagat catcctgac gacaagaccg	9720	20
gcttccatcc gagtacgtgc tcgctcgatg cgatgtttcg cttggtggtc gaatgggcag	9780	25
gtagccgat caagcgtatg cagccgccgc attgcatcag ccatgatgga tactttctcg	9840	
gcaggagcaa ggtgagatga caggagatcc tgccccggca cttcgcccaa tagcagccag	9900	30
tcccttcccg cttcagtgac aacgtcgagc acagctgcgc aaggaacgcc cgtcgtggcc	9960	35
agccacgata gccgcgtgc ctgcctcgtc agttcattca gggcaccgga caggtcggtc	10020	
ttgacaaaaa gaaccgggcg cccctgcgct gacagccgga acacggcggc atcagagcag	10080	40
ccgattgtct gttgtgcca gtcatagccg aatagcctct ccaccaagc ggccggagaa	10140	45
cctgcgtgca atccatcttg ttcaatccaa gctcccatgg gccctcgact agagtcgaga	10200	
tctggattga gagtgaatat gagactctaa ttggataccg aggggaattt atggaacgtc	10260	50
agtggagcat ttttgacaag aaatatttgc tagctgatag tgacctagg cgacttttga	10320	55
acgcgcaata atggtttctg acgtatgtgc ttagctcatt aaactccaga aaccgcggc	10380	
tgagtggctc cttcaacgtt gcggttctgt cagttccaaa cgtaaacgg cttgtcccgc	10440	60
gtcatcggcg ggggtcataa cgtgactccc ttaattctcc gtcatgac ttgatcccct	10500	65

# DE 102 19 203 A 1

gcgccatcag atccttggcg gcaagaaagc catccagttt actttgcagg gcttcccaac 10560

5 cttaccagag ggcgccccag ctggcaattc cggttcgctt gctgtccata aaaccgcca 10620

gtctagctat cgccatgtaa gcccaactgca agctacctgc tttctctttg cgcttgcggt 10680

10 ttcccttgtc cagatagccc agtagctgac attcatccgg ggtcagcacc gtttctgcgg 10740

15 actggctttc tacgtgttcc gcttccttta gcagcccttg cgccctgagt gcttgcgga 10800

gcgtgaagct tgcattgctg caggctgacg gcgcgccgag ctccctcgagc aaatttacac 10860

20 attgccacta aacgtctaaa cccttgtaat ttgtttttgt tttactatgt gtgttatgta 10920

25 tttgatttgc gataaatttt tatatttggg actaaattta taacaccttt tatgctaacg 10980

tttgccaaca cttagcaatt tgcaagttga ttaattgatt ctaaattatt tttgtcttct 11040

30 aaatacatat actaatcaac tggaaatgta aatatttgct aatatttcta ctataggaga 11100

35 attaaagtga gtgaatatgg taccacaagg tttggagatt taattgttgc aatgctgcat 11160

ggatggcata tacaccaaac attcaataat tcttgaggat aataatggta ccacacaaga 11220

40 tttgaggtgc atgaacgtca cgtggacaaa aggttttagta atttttcaag acaacaatgt 11280

45 taccacacac aagttttgag gtgcatgcat ggatgccctg tggaaagttt aaaaatattt 11340

tggaaatgat ttgcatggaa gccatgtgta aaaccatgac atccacttgg aggatgcaat 11400

50 aatgaagaaa actacaaatt tacatgcaac tagttatgca tgtagtctat ataatgagga 11460

55 ttttgcaata ctttcattca tacacactca ctaagtttta cagattata atttcttcat 11520

agccagccca ccgcggtgga aa atg gag gtc gtg gag aga ttc tac ggt gag 11572

60 Met Glu Val Val Glu Arg Phe Tyr Gly Glu

1 5 10

65 ttg gat ggg aag gtc tcg cag ggc gtg aat gca ttg ctg ggt agt ttt 11620

# DE 102 19 203 A 1

Leu Asp Gly Lys Val Ser Gln Gly Val Asn Ala Leu Leu Gly Ser Phe		
15	20	25
5		
ggg gtg gag ttg acg gat acg ccc act acc aaa ggc ttg ccc ctc gtt	11668	
Gly Val Glu Leu Thr Asp Thr Pro Thr Thr Lys Gly Leu Pro Leu Val		
30	35	40
10		
gac agt ccc aca ccc atc gtc ctc ggt gtt tct gta tac ttg act att	11716	
Asp Ser Pro Thr Pro Ile Val Leu Gly Val Ser Val Tyr Leu Thr Ile		
45	50	55
15		
gtc att gga ggg ctt ttg tgg ata aag gcc agg gat ctg aaa ccg cgc	11764	20
Val Ile Gly Gly Leu Leu Trp Ile Lys Ala Arg Asp Leu Lys Pro Arg		
60	65	70
25		
gcc tcg gag cca ttt ttg ctc caa gct ttg gtg ctt gtg cac aac ctg	11812	
Ala Ser Glu Pro Phe Leu Leu Gln Ala Leu Val Leu Val His Asn Leu		
75	80	85
90		30
ttc tgt ttt gcg ctc agt ctg tat atg tgc gtg ggc atc gct tat cag	11860	
Phe Cys Phe Ala Leu Ser Leu Tyr Met Cys Val Gly Ile Ala Tyr Gln		
95	100	105
35		
gct att acc tgg cgg tac tct ctc tgg ggc aat gca tac aat cct aaa	11908	40
Ala Ile Thr Trp Arg Tyr Ser Leu Trp Gly Asn Ala Tyr Asn Pro Lys		
110	115	120
45		
cat aaa gag atg gcg att ctg gta tac ttg ttc tac atg tct aag tac	11956	
His Lys Glu Met Ala Ile Leu Val Tyr Leu Phe Tyr Met Ser Lys Tyr		
125	130	135
50		
gtg gaa ttc atg gat acc gtt atc atg ata ctg aag cgc agc acc agg	12004	
Val Glu Phe Met Asp Thr Val Ile Met Ile Leu Lys Arg Ser Thr Arg		
140	145	150
55		
aaa ata agc ttc ctc cac gtt tat cat cat tct tca att tcc ctc att	12052	60
Gln Ile Ser Phe Leu His Val Tyr His His Ser Ser Ile Ser Leu Ile		
155	160	165
170		
ggg tgg gct att gct cat cac gct cct ggc ggt gaa gca tat tgg tct	12100	65

# DE 102 19 203 A 1

Trp Trp Ala Ile Ala His His Ala Pro Gly Gly Glu Ala Tyr Trp Ser  
 175 180 185  
 5 gcg gct ctg aac tca gga gtg cat gtt ctc atg tat gcg tat tac ttc 12148  
 Ala Ala Leu Asn Ser Gly Val His Val Leu Met Tyr Ala Tyr Tyr Phe  
 10 190 195 200  
 15 ttg gct gcc tgc ctt cga agt agc cca aag tta aaa aat aag tac ctt 12196  
 Leu Ala Ala Cys Leu Arg Ser Ser Pro Lys Leu Lys Asn Lys Tyr Leu  
 205 210 215  
 20 ttt tgg ggc agg tac ttg aca caa ttc caa atg ttc cag ttt atg ctg 12244  
 Phe Trp Gly Arg Tyr Leu Thr Gln Phe Gln Met Phe Gln Phe Met Leu  
 220 225 230  
 25 aac tta gtg cag gct tac tac gac atg aaa acg aat gcg cca tat cca 12292  
 Asn Leu Val Gln Ala Tyr Tyr Asp Met Lys Thr Asn Ala Pro Tyr Pro  
 30 235 240 245 250  
 35 caa tgg ctg atc aag att ttg ttc tac tac atg atc tcg ttg ctg ttt 12340  
 Gln Trp Leu Ile Lys Ile Leu Phe Tyr Tyr Met Ile Ser Leu Leu Phe  
 255 260 265  
 40 ctt ttc ggc aat ttt tac gta caa aaa tac atc aaa ccc tct gac gga 12388  
 Leu Phe Gly Asn Phe Tyr Val Gln Lys Tyr Ile Lys Pro Ser Asp Gly  
 270 275 280  
 45 aag caa aag gga gct aaa act gag tga tctagaaggc ctctgtcttt 12435  
 Lys Gln Lys Gly Ala Lys Thr Glu  
 50 285 290  
 aatgagatat gcgagacgcc tatgatcgca tgatatttgc tttcaattct gttgtgcacg 12495  
 55 ttgtaaaaaa cctgagcatg tgtagctcag atccttaccg ccggtttcgg ttcattctaa 12555  
 tgaatatatc acccgttact atcgatatttt tatgaataat attctccgtt caatttactg 12615  
 60 attgtccgctc gagcaaattt acacattgcc actaaacgtc taaacccttg taatttgttt 12675  
 65 ttgttttact atgtgtgtta tgtatttgat ttgcgataaa tttttatatt tgggtactaaa 12735

# DE 102 19 203 A 1

tttataacac cttttatgct aacgtttgcc aacacttagc aatttgcaag ttgattaatt	12795	
gattctaaat tatttttgtc ttctaaatac atataactaat caactggaaa tgtaaattatt	12855	5
tgctaattatt tctactatag gagaattaaa gtgagtgaat atggtaccac aaggtttgga	12915	
gatttaattg ttgcaatgct gcatggatgg catatacacc aaacattcaa taattcttga	12975	10
ggataataat ggtaccacac aagatttgag gtgcatgaac gtcacgtgga caaaagggttt	13035	15
agtaattttt caagacaaca atgttaccac acacaagttt tgagggtgcat gcatggatgc	13095	
cctgtggaaa gtttaaaaat attttggaat tgatttgcat ggaagccatg tgtaaaacca	13155	20
tgacatccac ttggaggatg caataatgaa gaaaactaca aatttacatg caactagtta	13215	25
tgcatgtagt ctatataatg aggattttgc aatactttca ttcatacaca ctactaagt	13275	
tttacacgat tataatttct tcatagccag cggatcc atg gta ttc gcg ggc ggt	13330	30
	Met Val Phe Ala Gly Gly	
	295	35
gga ctt cag cag ggc tct ctc gaa gaa aac atc gac gtc gag cac att	13378	
Gly Leu Gln Gln Gly Ser Leu Glu Glu Asn Ile Asp Val Glu His Ile		40
300 305 310		
gcc agt atg tct ctc ttc agc gac ttc ttc agt tat gtg tct tca act	13426	45
Ala Ser Met Ser Leu Phe Ser Asp Phe Phe Ser Tyr Val Ser Ser Thr		
315 320 325		
gtt ggt tcg tgg agc gta cac agt ata caa cct ttg aag cgc ctg acg	13474	50
Val Gly Ser Trp Ser Val His Ser Ile Gln Pro Leu Lys Arg Leu Thr		
330 335 340 345		55
agt aag aag cgt gtt tcg gaa agc gct gcc gtg caa tgt ata tca gct	13522	
Ser Lys Lys Arg Val Ser Glu Ser Ala Ala Val Gln Cys Ile Ser Ala		60
350 355 360		
gaa gtt cag aga aat tcg agt acc cag gga act gcg gag gca ctc gca	13570	65

# DE 102 19 203 A 1

	Glu Val Gln Arg Asn Ser Ser Thr Gln Gly Thr Ala Glu Ala Leu Ala	
	365	370 375
5		
	gaa tca gtc gtg aag ccc acg aga cga agg tca tct cag tgg aag aag	13618
	Glu Ser Val Val Lys Pro Thr Arg Arg Arg Ser Ser Gln Trp Lys Lys	
10	380	385 390
	tcg aca cac ccc cta tca gaa gta gca gta cac aac aag cca agc gat	13666
15	Ser Thr His Pro Leu Ser Glu Val Ala Val His Asn Lys Pro Ser Asp	
	395	400 405
20	tgc tgg att gtt gta aaa aac aag gtg tat gat gtt tcc aat ttt gcg	13714
	Cys Trp Ile Val Val Lys Asn Lys Val Tyr Asp Val Ser Asn Phe Ala	
	410	415 420 425
25		
	gac gag cat ccc gga gga tca gtt att agt act tat ttt gga cga gac	13762
	Asp Glu His Pro Gly Gly Ser Val Ile Ser Thr Tyr Phe Gly Arg Asp	
30	430	435 440
	ggc aca gat gtt ttc tct agt ttt cat gca gct tct aca tgg aaa att	13810
35	Gly Thr Asp Val Phe Ser Ser Phe His Ala Ala Ser Thr Trp Lys Ile	
	445	450 455
40	ctt caa gac ttt tac att ggt gac gtg gag agg gtg gag ccg act cca	13858
	Leu Gln Asp Phe Tyr Ile Gly Asp Val Glu Arg Val Glu Pro Thr Pro	
	460	465 470
45		
	gag ctg ctg aaa gat ttc cga gaa atg aga gct ctt ttc ctg agg gag	13906
	Glu Leu Leu Lys Asp Phe Arg Glu Met Arg Ala Leu Phe Leu Arg Glu	
50	475	480 485
	caa ctt ttc aaa agt tcg aaa ttg tac tat gtt atg aag ctg ctc acg	13954
55	Gln Leu Phe Lys Ser Ser Lys Leu Tyr Tyr Val Met Lys Leu Leu Thr	
	490	495 500 505
60	aat gtt gct att ttt gct gcg agc att gca ata ata tgt tgg agc aag	14002
	Asn Val Ala Ile Phe Ala Ala Ser Ile Ala Ile Ile Cys Trp Ser Lys	
	510	515 520
65		
	act att tca gcg gtt ttg gct tca gct tgt atg atg gct ctg tgt ttc	14050

# DE 102 19 203 A 1

Thr Ile Ser Ala Val Leu Ala Ser Ala Cys Met Met Ala Leu Cys Phe		
525	530	535
caa cag tgc gga tgg cta tcc cat gat ttt ctc cac aat cag gtg ttt	14098	5
Gln Gln Cys Gly Trp Leu Ser His Asp Phe Leu His Asn Gln Val Phe		
540	545	550
10		
gag aca cgc tgg ctt aat gaa gtt gtc ggg tat gtg atc ggc aac gcc	14146	
Glu Thr Arg Trp Leu Asn Glu Val Val Gly Tyr Val Ile Gly Asn Ala		15
555	560	565
ggt ctg ggg ttt agt aca ggg tgg tgg aag gag aag cat aac ctt cat	14194	20
Val Leu Gly Phe Ser Thr Gly Trp Trp Lys Glu Lys His Asn Leu His		
570	575	580
585		
25		
cat gct gct cca aat gaa tgc gat cag act tac caa cca att gat gaa	14242	
His Ala Ala Pro Asn Glu Cys Asp Gln Thr Tyr Gln Pro Ile Asp Glu		
590	595	600
30		
gat att gat act ctc ccc ctc att gcc tgg agc aag gac ata ctg gcc	14290	
Asp Ile Asp Thr Leu Pro Leu Ile Ala Trp Ser Lys Asp Ile Leu Ala		35
605	610	615
aca gtt gag aat aag aca ttc ttg cga atc ctc caa tac cag cat ctg	14338	40
Thr Val Glu Asn Lys Thr Phe Leu Arg Ile Leu Gln Tyr Gln His Leu		
620	625	630
45		
ttc ttc atg ggt ctg tta ttt ttc gcc cgt ggt agt tgg ctc ttt tgg	14386	
Phe Phe Met Gly Leu Leu Phe Phe Ala Arg Gly Ser Trp Leu Phe Trp		
635	640	645
50		
agc tgg aga tat acc tct aca gca gtg ctc tca cct gtc gac agg ttg	14434	
Ser Trp Arg Tyr Thr Ser Thr Ala Val Leu Ser Pro Val Asp Arg Leu		55
650	655	660
665		
ttg gag aag gga act gtt ctg ttt cac tac ttt tgg ttc gtc ggg aca	14482	60
Leu Glu Lys Gly Thr Val Leu Phe His Tyr Phe Trp Phe Val Gly Thr		
670	675	680
gcg tgc tat ctt ctc cct ggt tgg aag cca tta gta tgg atg gcg gtg	14530	65

# DE 102 19 203 A 1

	Ala Cys Tyr Leu Leu Pro Gly Trp Lys Pro Leu Val Trp Met Ala Val	
	685	690 695
5	act gag ctc atg tcc ggc atg ctg ctg ggc ttt gta ttt gta ctt agc	14578
	Thr Glu Leu Met Ser Gly Met Leu Leu Gly Phe Val Phe Val Leu Ser	
10	700	705 710
	cac aat ggg atg gag gtt tat aat tcg tct aaa gaa ttc gtg agt gca	14626
15	His Asn Gly Met Glu Val Tyr Asn Ser Ser Lys Glu Phe Val Ser Ala	
	715	720 725
	cag atc gta tcc aca cgg gat atc aaa gga aac ata ttc aac gac tgg	14674
20	Gln Ile Val Ser Thr Arg Asp Ile Lys Gly Asn Ile Phe Asn Asp Trp	
	730	735 740 745
25	ttc act ggt ggc ctt aac agg caa ata gag cat cat ctt ttc cca aca	14722
	Phe Thr Gly Gly Leu Asn Arg Gln Ile Glu His His Leu Phe Pro Thr	
30	750	755 760
	atg ccc agg cat aat tta aac aaa ata gca cct aga gtg gag gtg ttc	14770
35	Met Pro Arg His Asn Leu Asn Lys Ile Ala Pro Arg Val Glu Val Phe	
	765	770 775
	tgt aag aaa cac ggt ctg gtg tac gaa gac gta tct att gct acc ggc	14818
40	Cys Lys Lys His Gly Leu Val Tyr Glu Asp Val Ser Ile Ala Thr Gly	
	780	785 790
45	act tgc aag gtt ttg aaa gca ttg aag gaa gtc gcg gag gct gcg gca	14866
	Thr Cys Lys Val Leu Lys Ala Leu Lys Glu Val Ala Glu Ala Ala Ala	
50	795	800 805
	gag cag cat gct acc acc agt taa gctagcggtta accctgcttt aatgagatat	14920
55	Glu Gln His Ala Thr Thr Ser	
	810	815
60	gcgagacgcc tatgatcgca tgatatttgc tttcaattct gttgtgcacg ttgtaaaaaa	14980
	cctgagcatg tgtagctcag atccttaccg ccggtttcgg ttcattctaa tgaatatatc	15040
65	accggttact atcgtatttt tatgaataat attctccggt caatttactg attgtccgctc	15100



# DE 102 19 203 A 1

gacgaattcg agctcggcgc gcctctagag gatcgatgaa ttcagatcgg ctgagtggct 15160  
 ccttcaacgt tgcggttctg tcagttccaa acgtaaaacg gcttgtcccg cgtcatcggc 15220  
 gggggtcata acgtgaactcc cttaattctc cgctcatgat cagattgtcg tttcccgct 15280  
 tcagtttaaa ctatcagtgt ttgacaggat atattggcgg gtaaacctaa gagaaaagag 15340  
 cgtttattag aataatcgga tatttaaaag ggcgtgaaaa ggtttatcct tcgtccattt 15400  
 gtatgtgcat gcccaaccaca ggggttcccca 15430

<210> 44

<211> 290

<212> PRT

<213> Unknown

<400> 44

Met Glu Val Val Glu Arg Phe Tyr Gly Glu Leu Asp Gly Lys Val Ser  
 1 5 10 15

Gln Gly Val Asn Ala Leu Leu Gly Ser Phe Gly Val Glu Leu Thr Asp  
 20 25 30

Thr Pro Thr Thr Lys Gly Leu Pro Leu Val Asp Ser Pro Thr Pro Ile  
 35 40 45

Val Leu Gly Val Ser Val Tyr Leu Thr Ile Val Ile Gly Gly Leu Leu  
 50 55 60

Trp Ile Lys Ala Arg Asp Leu Lys Pro Arg Ala Ser Glu Pro Phe Leu  
 65 70 75 80

Leu Gln Ala Leu Val Leu Val His Asn Leu Phe Cys Phe Ala Leu Ser  
 85 90 95

Leu Tyr Met Cys Val Gly Ile Ala Tyr Gln Ala Ile Thr Trp Arg Tyr  
 100 105 110

# DE 102 19 203 A 1

Ser Leu Trp Gly Asn Ala Tyr Asn Pro Lys His Lys Glu Met Ala Ile  
 115 120 125

5

Leu Val Tyr Leu Phe Tyr Met Ser Lys Tyr Val Glu Phe Met Asp Thr  
 130 135 140

10

Val Ile Met Ile Leu Lys Arg Ser Thr Arg Gln Ile Ser Phe Leu His  
 145 150 155 160

15

Val Tyr His His Ser Ser Ile Ser Leu Ile Trp Trp Ala Ile Ala His  
 165 170 175

20

His Ala Pro Gly Gly Glu Ala Tyr Trp Ser Ala Ala Leu Asn Ser Gly  
 180 185 190

25

Val His Val Leu Met Tyr Ala Tyr Tyr Phe Leu Ala Ala Cys Leu Arg  
 195 200 205

30

Ser Ser Pro Lys Leu Lys Asn Lys Tyr Leu Phe Trp Gly Arg Tyr Leu  
 210 215 220

35

Thr Gln Phe Gln Met Phe Gln Phe Met Leu Asn Leu Val Gln Ala Tyr  
 225 230 235 240

40

Tyr Asp Met Lys Thr Asn Ala Pro Tyr Pro Gln Trp Leu Ile Lys Ile  
 245 250 255

45

Leu Phe Tyr Tyr Met Ile Ser Leu Leu Phe Leu Phe Gly Asn Phe Tyr  
 260 265 270

50

Val Gln Lys Tyr Ile Lys Pro Ser Asp Gly Lys Gln Lys Gly Ala Lys  
 275 280 285

55

Thr Glu  
 290

60

<210> 45  
 <211> 525

65

# DE 102 19 203 A 1

<212> PRT

<213> Unknown

<400> 45

Met Val Phe Ala Gly Gly Gly Leu Gln Gln Gly Ser Leu Glu Glu Asn

1 5 10 15

5

10

Ile Asp Val Glu His Ile Ala Ser Met Ser Leu Phe Ser Asp Phe Phe

20 25 30

15

Ser Tyr Val Ser Ser Thr Val Gly Ser Trp Ser Val His Ser Ile Gln

35 40 45

20

Pro Leu Lys Arg Leu Thr Ser Lys Lys Arg Val Ser Glu Ser Ala Ala

50 55 60

25

Val Gln Cys Ile Ser Ala Glu Val Gln Arg Asn Ser Ser Thr Gln Gly

65 70 75 80

30

Thr Ala Glu Ala Leu Ala Glu Ser Val Val Lys Pro Thr Arg Arg Arg

85 90 95

35

Ser Ser Gln Trp Lys Lys Ser Thr His Pro Leu Ser Glu Val Ala Val

100 105 110

40

His Asn Lys Pro Ser Asp Cys Trp Ile Val Val Lys Asn Lys Val Tyr

115 120 125

45

Asp Val Ser Asn Phe Ala Asp Glu His Pro Gly Gly Ser Val Ile Ser

130 135 140

50

Thr Tyr Phe Gly Arg Asp Gly Thr Asp Val Phe Ser Ser Phe His Ala

145 150 155 160

55

Ala Ser Thr Trp Lys Ile Leu Gln Asp Phe Tyr Ile Gly Asp Val Glu

165 170 175

60

Arg Val Glu Pro Thr Pro Glu Leu Leu Lys Asp Phe Arg Glu Met Arg

180 185 190

65

# DE 102 19 203 A 1

	Ala	Leu	Phe	Leu	Arg	Glu	Gln	Leu	Phe	Lys	Ser	Ser	Lys	Leu	Tyr	Tyr	
		195						200					205				
5	Val	Met	Lys	Leu	Leu	Thr	Asn	Val	Ala	Ile	Phe	Ala	Ala	Ser	Ile	Ala	
		210					215					220					
10	Ile	Ile	Cys	Trp	Ser	Lys	Thr	Ile	Ser	Ala	Val	Leu	Ala	Ser	Ala	Cys	
	225					230				235					240		
15	Met	Met	Ala	Leu	Cys	Phe	Gln	Gln	Cys	Gly	Trp	Leu	Ser	His	Asp	Phe	
				245					250					255			
20	Leu	His	Asn	Gln	Val	Phe	Glu	Thr	Arg	Trp	Leu	Asn	Glu	Val	Val	Gly	
			260						265					270			
25	Tyr	Val	Ile	Gly	Asn	Ala	Val	Leu	Gly	Phe	Ser	Thr	Gly	Trp	Trp	Lys	
		275						280					285				
30	Glu	Lys	His	Asn	Leu	His	His	Ala	Ala	Pro	Asn	Glu	Cys	Asp	Gln	Thr	
		290					295					300					
35	Tyr	Gln	Pro	Ile	Asp	Glu	Asp	Ile	Asp	Thr	Leu	Pro	Leu	Ile	Ala	Trp	
	305					310				315					320		
40	Ser	Lys	Asp	Ile	Leu	Ala	Thr	Val	Glu	Asn	Lys	Thr	Phe	Leu	Arg	Ile	
				325						330				335			
45	Leu	Gln	Tyr	Gln	His	Leu	Phe	Phe	Met	Gly	Leu	Leu	Phe	Phe	Ala	Arg	
			340						345					350			
50	Gly	Ser	Trp	Leu	Phe	Trp	Ser	Trp	Arg	Tyr	Thr	Ser	Thr	Ala	Val	Leu	
		355						360					365				
55	Ser	Pro	Val	Asp	Arg	Leu	Leu	Glu	Lys	Gly	Thr	Val	Leu	Phe	His	Tyr	
		370					375					380					
60	Phe	Trp	Phe	Val	Gly	Thr	Ala	Cys	Tyr	Leu	Leu	Pro	Gly	Trp	Lys	Pro	
	385				390						395				400		
65	Leu	Val	Trp	Met	Ala	Val	Thr	Glu	Leu	Met	Ser	Gly	Met	Leu	Leu	Gly	

# DE 102 19 203 A 1

405	410	415	
Phe Val Phe Val Leu Ser His Asn Gly Met Glu Val Tyr Asn Ser Ser			5
420	425	430	
Lys Glu Phe Val Ser Ala Gln Ile Val Ser Thr Arg Asp Ile Lys Gly			10
435	440	445	
Asn Ile Phe Asn Asp Trp Phe Thr Gly Gly Leu Asn Arg Gln Ile Glu			15
450	455	460	
His His Leu Phe Pro Thr Met Pro Arg His Asn Leu Asn Lys Ile Ala			20
465	470	475	480
Pro Arg Val Glu Val Phe Cys Lys Lys His Gly Leu Val Tyr Glu Asp			25
485	490	495	
Val Ser Ile Ala Thr Gly Thr Cys Lys Val Leu Lys Ala Leu Lys Glu			30
500	505	510	
Val Ala Glu Ala Ala Ala Glu Gln His Ala Thr Thr Ser			35
515	520	525	
<210> 46			40
<211> 17752			
<212> DNA			45
<213> Unknown			
<220>			50
<223> pflanz. Expressionsvektor mit 3			
Promotor-Terminator- Expressionskassetten			
inseriert mit Physcomitrella Elongase + Desaturase			55
+ Phaeodactylum Desaturase			
<220>			60
<221> CDS			
<222> (11543)...(12415)			
<220>			65

# DE 102 19 203 A 1

<221> CDS

<222> (13313)..(14890)

5

<220>

<221> CDS

10

<222> (15791)..(17200)

<400> 46

15

gatctggcgc cggccagcga gacgagcaag attggccgcc gcccgaaacg atccgacagc 60

gcgcccagca caggtgcgca ggcaaattgc accaacgcat acagcgccag cagaatgccca 120

20

tagtggggcgg tgacgtcgtt cgagtgaacc agatcgcgca ggaggcccg cagcacccggc 180

25

ataatcaggc cgatgccgac agcgtcgagc gcgacagtgc tcagaattac gatcaggggt 240

atgttgggtt tcacgtctgg cctccggacc agcctccgct ggtccgattg aacgcgcgga 300

30

ttctttatca ctgataagtt ggtggacata ttatgtttat cagtgataaa gtgtcaagca 360

35

tgacaaagtt gcagccgaat acagtgatcc gtgccgcctt ggacctgttg aacgaggtcg 420

gcgtagacgg tctgacgaca cgcaaactgg cggaacggtt gggggttcag cagccggcgc 480

40

tttactggca cttcaggaac aagcgggcgc tgctcgacgc actggccgaa gccatgctgg 540

45

cggagaatca tacgcattcg gtgccgagag ccgacgacga ctggcgctca tttctgatcg 600

ggaatgcccg cagcttcagg caggcgctgc tcgcctaccg cgatggcgcg cgcatccatg 660

50

ccggcacgcg accgggcgca ccgcagatgg aaacggccga cgcgcagctt cgcttcctct 720

55

gcgaggcggg tttttcggcc ggggacgccg tcaatgcgct gatgacaatc agctacttca 780

ctgttggggc cgtgcttgag gagcaggccg gcgacagcga tgccggcgag cgcgggcgga 840

60

ccgttgaaca ggctccgctc tcgccgctgt tgcgggcccgc gatagacgcc ttcgacgaag 900

65

ccggtccgga cgcagcgctc gagcagggac tcgcggtgat tgtcgatgga ttggcgaaaa 960

# DE 102 19 203 A 1

ggaggctcgt tgtcaggaac gttgaaggac cgagaaaggg tgacgattga tcaggaccgc	1020	
tgccggagcg caaccactc actacagcag agccatgtag acaacatccc ctcccccttt	1080	5
ccaccgcgtc agacgcccgt agcagcccgc tacgggcttt ttcattgccct gccctagcgt	1140	
ccaagcctca cggccgcgct cggcctctct ggccggccttc tggegetctt ccgcttcctc	1200	10
gctcactgac tcgctgcgct cggtcgttcg gctgcggcga gcggtatcag ctcaactcaa	1260	15
ggcggtaata cggttatcca cagaatcagg ggataacgca ggaaagaaca tgtgagcaaa	1320	
agggcagcaa aaggccagga accgtaaaaa ggccgcgttg ctggcgctttt tccataggct	1380	20
ccgccccct gacgagcatc acaaaaatcg acgctcaagt cagaggtggc gaaacccgac	1440	25
aggactataa agataccagg cgtttcccc tggaagctcc ctctgcgct ctctgttcc	1500	
gacctgccc cttaccggat acctgtccgc ctttctcct tcgggaagcg tggcgctttt	1560	30
ccgctgcata acctgcttc ggggtcatta tagcgatttt ttcggtatat ccctctttt	1620	35
tcgcacgata tacaggattt tgccaaaggg ttcgtgtaga ctttccttgg tgtatccaac	1680	
ggcgtcagcc gggcaggata ggtgaagtag gccacccgc gagcgggtgt tcctttctca	1740	40
ctgtccctta ttcgcacctg gcggtgctca acgggaatcc tgctctgcga ggctggccgg	1800	45
ctaccgccgg cgtaacagat gagggcaagc ggatggctga tgaaaccaag ccaaccagga	1860	
agggcagccc acctatcaag gtgtactgcc ttccagacga acgaagagcg attgaggaaa	1920	50
aggcggcggc ggccggcatg agcctgtcgg cctacctgct ggccgtcggc cagggtaca	1980	55
aatcacggg cgtcgtggac tatgagcacg tccgcgagct ggccgcac c aatggcgacc	2040	
tgggcgcctt ggccggcctg ctgaaactct ggctcaccga cgacccgcgc acggcgcggt	2100	60
tcggtgatgc cagatcctc gccctgctgg cgaagatcga agagaagcag gacgagcttg	2160	65

# DE 102 19 203 A 1

gcaaggtcat gatgggcgtg gtccgcccga gggcagagcc atgacttttt tagccgctaa 2220  
 5 aacggccggg gggcgcgctg gattgccaaag cacgtcccca tgcgctccat caagaagagc 2280  
 gacttcgctg agctgggtgaa gtacatcacc gacgagcaag gcaagaccga ggcgctttgc 2340  
 10 gacgctcacc gggctgggtg ccctcgccgc tgggctggcg gccgtctatg gccctgcaaa 2400  
 15 cgcgccagaa acgccgtcga agccgtgtgc gagacaccgc ggccgcccgc gttgtggata 2460  
 cctcgccgaa aacttgcccc tctactgacag atgaggggag gacgttgaca cttgaggggc 2520  
 20 cgactcacc gccgcggcgt tgacagatga ggggcaggct cgatttcggc cggcgacgtg 2580  
 25 gagctggcca gcctcgcaaa tcggcgaaaa cgcctgattt tacgcgagtt tcccacagat 2640  
 gatgtggaca agcctgggga taagtgcctt gcggtattga cacttgaggg gcgcgactac 2700  
 30 tgacagatga ggggcgcat ccttgacact tgaggggag agtgctgaca gatgaggggc 2760  
 35 gcacctattg acatttgagg ggctgtccac aggcagaaaa tccagcattt gcaagggttt 2820  
 ccgcccgttt ttccggccacc gctaacctgt cttttaacct gcttttaaac caatatttat 2880  
 40 aaaccttggt tttaaccagg gctgcgccct gtgcgcgtga ccgcgcacgc cgaagggggg 2940  
 45 tgccccccct tctcgaaccc tcccggcccg ctaacgcggg cctcccatcc cccagggggc 3000  
 tgcgcccctc ggccgcgaac ggcctcacc caaaaatggc agcgctggca gtccttgcca 3060  
 50 ttgccgggat cggggcagta acgggatggg cgatcagccc gagcgcgacg cccggaagca 3120  
 55 ttgacgtgcc gcaggtgctg gcatcgacat tcagcgacca ggtgccgggc agtgagggcg 3180  
 gcggcctggg tggcggcctg cccttcactt cggccgtcgg ggcattcacg gacttcattg 3240  
 60 cggggccggc aatttttacc ttgggcattc ttggcatagt ggtcgcggtt gccgtgctcg 3300  
 65 tggttcgggg tgcgataaac ccagcgaacc atttgaggtg ataggtaaga ttataccgag 3360



# DE 102 19 203 A 1

gtatgaaaac gagaattgga cctttacaga attactctat gaagcgccat atttaaaaag	3420	
ctaccaagac gaagaggatg aagaggatga ggaggcagat tgccttgaat atattgacaa	3480	5
tactgataag ataatatatc ttttatatag aagatatcgc cgtatgtaag gatttcaggg	3540	
ggcaaggcat aggcagcgcg cttatcaata tatctataga atgggcaaag cataaaaact	3600	10
tgcatggact aatgcttgaa acccaggaca ataaccttat agcttgtaaa ttctatcata	3660	15
attgggtaat gactccaact tattgatagt gttttatggt cagataatgc ccgatgactt	3720	
tgtcatgcag ctccaccgat tttgagaacg acagcgactt ccgtcccagc cgtgccaggt	3780	20
gctgcctcag attcagggtta tgccgctcaa ttcgctgcgt atatcgcttg ctgattacgt	3840	25
gcagctttcc cttcaggcgg gattcataca gcggccagcc atccgtcacc catatcacca	3900	
cgtcaaaggg tgacagcagg ctcataagac gccccagcgt cgccatagtg cgttcaccga	3960	30
atacgtgcgc aacaaccgtc ttccggagac tgtcatacgc gtaaaacagc cagcgctggc	4020	35
gcgatttagc cccgacatag cccactggt cgtccatttc cgcgcagacg atgacgtcac	4080	
tgcccggctg tatgcgcgag gttaccgact gcggcctgag ttttttaagt gacgtaaaat	4140	40
cgtgttgagg ccaacgcca taatgcgggc tggtgcccgg catccaacgc cattcatggc	4200	45
catatcaatg attttctggt gcgtaccggg ttgagaagcg gtgtaagtga actgcagttg	4260	
ccatgtttta cggcagtgag agcagagata gcgctgatgt ccggcggtgc ttttgccggt	4320	50
acgcaccacc ccgtcagtag ctgaacagga gggacagctg atagacacag aagccactgg	4380	55
agcacctcaa aaacaccatc atacactaaa tcagtaagtt ggcagcatca ccataattg	4440	
tggtttcaaa atcggctccg tcgatactat gttatacgcc aactttgaaa acaactttga	4500	60
aaaagctggt ttctggtatt taagggttta gaatgcaagg aacagtgaat tggagttcgt	4560	65

# DE 102 19 203 A 1

cttgttataa ttagcttctt ggggtatctt taaatactgt agaaaagagg aaggaaataa 4620  
 5 taaatggcta aaatgagaat atcacggaa ttgaaaaaac tgatcgaaaa ataccgctgc 4680  
 gtaaaagata cggaaggaat gtctcctgct aaggtatata agctgggtggg agaaaatgaa 4740  
 10 aacctatatt taaaaatgac ggacagccgg tataaaggga ccacctatga tgtggaacgg 4800  
 15 gaaaaggaca tgatgctatg gctggaagga aagctgcttg ttccaaaggt cctgcacttt 4860  
 gaacggcatg atggctggag caatctgctc atgagtgagg ccgatggcgt cctttgctcg 4920  
 20 gaagagtatg aagatgaaca aagccctgaa aagattatcg agctgtatgc ggagtgcac 4980  
 25 aggctctttc actccatcga catatcggat tgtccctata cgaatagctt agacagccgc 5040  
 ttagccgaat tggattactt actgaataac gatctggccg atgtggattg cgaaaactgg 5100  
 30 gaagaagaca ctccatttaa agatccgcgc gagctgtatg atttttttaa gacggaaaag 5160  
 35 cccgaagagg aacttgtctt ttcccacggc gacctgggag acagcaacat ctttgtgaaa 5220  
 gatggcaaag taagtggctt tattgatctt gggagaagcg gcagggcgga caagtggat 5280  
 40 gacattgcct tctgcgtccg gtcgatcagg gaggatatcg gggaagaaca gtatgtcgag 5340  
 45 ctatTTTTTg acttactggg gatcaagcct gattgggaga aaataaaata ttatatttta 5400  
 ctggatgaat tgttttagta cctagatgtg gcgcaacgat gccggcgaca agcaggagcg 5460  
 50 caccgacttc ttccgcatca agtgTTTTg ctctcaggcc gaggcccacg gcaagtattt 5520  
 55 gggcaagggg tcgctggat tcgtgcagg caagattcgg aataccaagt acgagaagga 5580  
 cggccagacg gtctacggga ccgacttcat tgccgataag gtggattatc tggacaccaa 5640  
 60 ggcaccaggc ggggtcaaac aggaataagg gcacattgcc ccggcgtgag tcggggcaat 5700  
 65 cccgcaagga ggggtgaatga atcggacgtt tgaccggaag gcatacaggc aagaactgat 5760

# DE 102 19 203 A 1

cgacgcgggg ttttcgcgcg aggatgccga aaccatcgca agccgcaccg tcatgcgtgc	5820	
gccccgcgaa accttccagt ccgtcggctc gatgggccag caagctacgg ccaagatcga	5880	5
gcgcgacagc gtgcaactgg ctccccctgc cctgcccgcg ccacgcggccg ccgtggagcg	5940	
ttcgcgtcgt ctgcaacagg aggcggcagg tttggcgaag tcgatgacca tcgacacgcg	6000	10
aggaactatg acgaccaaga agcgaaaaac cgccggcgag gacctggcaa aacaggtcag	6060	15
cgaggccaag caggccgcgt tgctgaaaca cacgaagcag cagatcaagg aaatgcagct	6120	
ttccttggtc gatattgcgc cgtggccgga cacgatgcga gcgatgcaa acgacacggc	6180	20
ccgctctgcc ctgttcacca cgcgcaacaa gaaaatcccg cgcgaggcgc tgcaaaacaa	6240	25
ggtcattttc cacgtcaaca aggacgtgaa gatcacctac accggcgctc agctgcgggc	6300	
cgacgatgac gaactggtgt ggcagcaggt gttggagtac gcgaagcgca cccctatcgg	6360	30
cgagccgatc accttcacgt tctacgagct ttgccaggac ctgggctggt cgatcaatgg	6420	35
ccggtattac acgaaggccg aggaatgcct gtcgcgccta caggcgacgg cgatgggctt	6480	
cacgtccgac cgcgttgggc acctggaatc ggtgtcgtc ctgcaccgct tccgcgtcct	6540	40
ggaccgtggc aagaaaacgt cccgttgcca ggtcctgatc gacgaggaaa tcgtcgtgct	6600	45
gtttgctggc gaccactaca cgaaattcat atgggagaag taccgcaagc tgtcgccgac	6660	
ggccccgacgg atgttcgact atttcagctc gcaccgggag ccgtaccgc tcaagctgga	6720	50
aaccttccgc tcatgtgcg gatcggattc caccgcgctg aagaagtggc gcgagcaggt	6780	55
cggcgaagcc tgcaagagt tgcgaggcag cggcctggtg gaacacgcct ggggtcaatga	6840	
tgacctggtg cattgcaaac gctagggcct tgtgggggtca gttccggctg ggggttcagc	6900	60
agccagcgct ttactggcat ttcaggaaca agcgggcact gtcgacgca cttgcttcgc	6960	65

# DE 102 19 203 A 1

tcagtatcgc tcgggacgca cggcgcgctc tacgaactgc cgataaacag aggattaaaa 7020

5 ttgacaattg tgattaaggc tcagattcga cggcttggag cggccgacgt gcaggatttc 7080

cgcgagatcc gattgtcggc cctgaagaaa gctccagaga tgttcgggtc cgtttacgag 7140

10 cacgaggaga aaaagcccat ggaggcgctc gctgaacggt tgcgagatgc cgtggcattc 7200

15 ggcgcctaca tcgacggcga gatcattggg ctgtcggctc tcaaacaggà ggacggcccc 7260

aaggacgctc acaaggcgca tctgtccggc gttttcgtgg agcccgaaca gcgaggccga 7320

20 ggggtcgccg gtatgctgct gcgggcgctg ccggcggggt tattgctcgt gatgatcgtc 7380

25 cgacagattc caacgggaat ctggtggatg cgcattctca tcctcggcgc acttaatat 7440

tcgctattct ggagcttggt gtttatttcg gtctaccgcc tgccggggcg ggtcgcggcg 7500

30 acggtaggcg ctgtgcagcc gctgatggc gtgttcattc ctgccgctc gctaggtagc 7560

35 ccgatacgat tgatggcggt cctgggggct atttgcgga ctgcgggcgt ggcgctgttg 7620

gtgttgacac caaacgcagc gctagatcct gtcggcgtcg cagcgggcct ggcgggggcg 7680

40 gtttccatgg cgttcggaac cgtgctgacc cgcaagtggc aacctccgt gcctctgctc 7740

acctttaccg cctggcaact ggcggccgga ggacttctgc tcgttccagt agctttagt 7800

45 tttgatccgc caatcccgat gcctacagga accaatgttc tcggcctggc gtggctcggc 7860

50 ctgatcggag cgggtttaac ctacttcctt tggttccggg ggatctcgcg actcgaacct 7920

acagttgttt ccttactggg ctttctcagc ccagatctg gggtcgatca gccggggatg 7980

55 catcaggccg acagtcggaa cttcgggtcc ccgacctgta ccattcgggt agcaatggat 8040

60 aggggagttg atatcgtaaa cgttcacttc taaagaaata gcgccactca gtttctcag 8100

cggtttatc cagcgatttc ctattatgtc ggcatagttc tcaagatcga cagcctgtca 8160

65

# DE 102 19 203 A 1

cggttaagcg agaaatgaat aagaaggctg ataattcgga tctctgagag ggagatgata	8220	
tttgatcaca ggcagcaacg ctctgtcatc gttacaatca acatgctacc ctccgagaga	8280	5
tcatccgtgt ttcaaaccgg gcagcttagt tgccgttctt ccgaatagca tcggtaacat	8340	
gagcaaagtc tgccgcctta caacggctct cccgctgacg ccgtcccga ctgatgggct	8400	10
gcctgtatcg agtggtgatt ttgtgccgag ctgccggctg gggagctggt ggctggctgg	8460	15
tggcaggata tattgtgggtg taaacaaatt gacgcttaga caacttaata acacattgag	8520	
gacgttttta atgtactggg gtggtttttc ttttcaccag tgagacgggc aacagctgat	8580	20
tgcccttcac cgctggccc tgagagagtt gcagcaagcg gtccacgctg gtttgcccca	8640	25
gcaggcgaaa atcctgtttg atggtgggtc cgaaatcggc aaaatccctt ataaatcaaa	8700	
agaatagccc gagatagggg tgagtgttgt tccagtttgg aacaagagtc cactattaaa	8760	30
gaacgtggac tccaacgtca aagggcgaaa aaccgtctat cagggcgatg gccactacg	8820	35
tgaaccatca cccaaatcaa gttttttggg gtcgaggtgc cgtaaagcac taaatcgga	8880	
ccctaaaggg agccccgat ttagagcttg acggggaaag ccggcgaacg tggcgagaaa	8940	40
ggaaggggag aaagcgaaag gagcggggcg cattcaggct gcgcaactgt tgggaagggc	9000	45
gatcgggtgcg ggctcttcg ctattacgcc agctggcgaa agggggatgt gctgcaaggc	9060	
gattaagttg ggtaacgcca gggttttccc agtcacgacg ttgtaaaacg acggccagt	9120	50
aattaattcc catcttgaaa gaaatatagt ttaaataatt attgataaaa taacaagtca	9180	55
ggtattatag tccaagcaaa aacataaatt tattgatgca agtttaaatt cagaaatatt	9240	
tcaataactg attatatcag ctggtacatt gccgtagatg aaagactgag tgcgatatta	9300	60
tgtgtaatac ataaattgat gatatagcta gcttagctca tcgggggatc cgtcgaagct	9360	65

# DE 102 19 203 A 1

agcttgggtc cgcctcagaa gaactcgtca agaaggcgat agaaggcgat gcgctgcgaa 9420  
 5 tcgggagcgg cgataccgta aagcacgagg aagcggtcag cccattcgcc gccaagctct 9480  
 tcagcaatat cacgggtagc caacgctatg tctgatagc ggtccgccac acccagccgg 9540  
 10 ccacagtcga tgaatccaga aaagcggcca tttccacca tgatattcgg caagcaggca 9600  
 15 tcgccatggg tcacgacgag atcctcgccg tcgggcatgc gcgccttgag cctggcgaac 9660  
 agttcggctg gcgcgagccc ctgatgctct tcgtccagat catcctgac gacaagaccg 9720  
 20 gcttccatcc gagtacgtgc tcgctcgatg cgatgtttcg cttggtggtc gaatgggcag 9780  
 gtagccggat caagcgtatg cagccgccgc attgcatcag ccatgatgga tactttctcg 9840  
 25 gcaggagcaa ggtgagatga caggagatcc tgccccggca cttcgcccaa tagcagccag 9900  
 30 tcccttcccg cttcagtgac aacgtcgagc acagctgcgc aaggaacgcc cgtcgtggcc 9960  
 agccacgata gccgcgctgc ctgcctctgc agttcattca gggcaccgga caggtcggtc 10020  
 35 ttgacaaaaa gaaccgggcg cccctgcgct gacagccgga acacggcggc atcagagcag 10080  
 40 ccgattgtct gttgtgccca gtcatagccg aatagcctct ccaccaagc ggccggagaa 10140  
 cctgcgtgca atccatcttg ttcaatccaa gtcctcatgg gccctcgact agagtcgaga 10200  
 45 tctggattga gagtgaatat gagactctaa ttggataccg aggggaattt atggaacgtc 10260  
 agtggagcat ttttgacaag aaatatttgc tagctgatag tgacctagg cgacttttga 10320  
 50 acgcgcaata atggtttctg acgtatgtgc ttagctcatt aaactccaga aaccgcggc 10380  
 55 tgagtggctc cttcaacgtt gcggttctgt cagttccaaa cgtaaaacgg cttgtccgc 10440  
 60 gtcacggcg ggggtcataa cgtgactccc ttaattctcc gtcctgac ttgatccct 10500  
 65 gcgcatcag atccttggcg gcaagaaagc catccagttt actttgcagg gcttcccaac 10560

# DE 102 19 203 A 1

cttaccagag ggcgccccag ctggcaattc cggttcgctt gctgtccata aaaccgcccc	10620	
gtctagctat cgccatgtaa gccactgca agctacctgc tttctctttg cgcttgcggt	10680	5
ttcccttgtc cagatagccc agtagctgac attcatccgg ggtcagcacc gtttctgcgg	10740	
actggctttc tacgtgttcc gtttcttta gcagcccttg cgccctgagt gcttgcgcca	10800	10
gcgtgaagct tgcattgctg caggctgacg gcgcgcccag ctctctgagc aaatttacac	10860	15
attgccacta aacgtctaaa cccttgtaat ttgtttttgt tttactatgt gtgttatgta	10920	
tttgatttgc gataaatttt tatatttggg actaaattta taacaccttt tatgctaacg	10980	20
tttgccaaca cttagcaatt tgcaagttga ttaattgatt ctaaattatt tttgtcttct	11040	25
aaatacatat actaatcaac tggaaatgta aatatttgct aatatttcta ctataggaga	11100	
attaaagtga gtgaatatgg taccacaagg tttggagatt taattgttgc aatgctgcat	11160	30
ggatggcata tacaccaaac attcaataat tcttgaggat aataatggta ccacacaaga	11220	35
tttgaggtgc atgaacgtca cgtggacaaa aggttttagta atttttcaag acaacaatgt	11280	
taccacacac aagttttgag gtgcatgcat ggatgccttg tggaaagttt aaaaatattt	11340	40
tggaaatgat ttgcatggaa gccatgtgta aaacctgac atccacttgg aggatgcaat	11400	45
aatgaagaaa actacaaatt tacatgcaac tagttatgca tgtagtctat ataatgagga	11460	
ttttgcaata ctttcattca tacacactca ctaagtttta cagattata atttcttcat	11520	50
agccagccca ccgcggtgga aa atg gag gtc gtg gag aga ttc tac ggt gag	11572	55
Met Glu Val Val Glu Arg Phe Tyr Gly Glu		
1 5 10		
ttg gat ggg aag gtc tcg cag ggc gtg aat gca ttg ctg ggt agt ttt	11620	60
Leu Asp Gly Lys Val Ser Gln Gly Val Asn Ala Leu Leu Gly Ser Phe		
15 20 25		
		65

## DE 102 19 203 A 1

5	ggg gtg gag ttg acg gat acg ccc act acc aaa ggc ttg ccc ctc gtt	11668
	Gly Val Glu Leu Thr Asp Thr Pro Thr Thr Lys Gly Leu Pro Leu Val	
	30 35 40	
10	gac agt ccc aca ccc atc gtc ctc ggt gtt tct gta tac ttg act att	11716
	Asp Ser Pro Thr Pro Ile Val Leu Gly Val Ser Val Tyr Leu Thr Ile	
	45 50 55	
15	gtc att gga ggg ctt ttg tgg ata aag gcc agg gat ctg aaa ccg cgc	11764
	Val Ile Gly Gly Leu Leu Trp Ile Lys Ala Arg Asp Leu Lys Pro Arg	
	60 65 70	
20	gcc tcg gag cca ttt ttg ctc caa gct ttg gtg ctt gtg cac aac ctg	11812
	Ala Ser Glu Pro Phe Leu Leu Gln Ala Leu Val Leu Val His Asn Leu	
25	75 80 85 90	
30	ttc tgt ttt gcg ctc agt ctg tat atg tgc gtg ggc atc gct tat cag	11860
	Phe Cys Phe Ala Leu Ser Leu Tyr Met Cys Val Gly Ile Ala Tyr Gln	
	95 100 105	
35	gct att acc tgg cgg tac tct ctc tgg ggc aat gca tac aat cct aaa	11908
	Ala Ile Thr Trp Arg Tyr Ser Leu Trp Gly Asn Ala Tyr Asn Pro Lys	
	110 115 120	
40	cat aaa gag atg gcg att ctg gta tac ttg ttc tac atg tct aag tac	11956
	His Lys Glu Met Ala Ile Leu Val Tyr Leu Phe Tyr Met Ser Lys Tyr	
45	125 130 135	
50	gtg gaa ttc atg gat acc gtt atc atg ata ctg aag cgc agc acc agg	12004
	Val Glu Phe Met Asp Thr Val Ile Met Ile Leu Lys Arg Ser Thr Arg	
	140 145 150	
55	caa ata agc ttc ctc cac gtt tat cat cat tct tca att tcc ctc att	12052
	Gln Ile Ser Phe Leu His Val Tyr His His Ser Ser Ile Ser Leu Ile	
	155 160 165 170	
60	tgg tgg gct att gct cat cac gct cct ggc ggt gaa gca tat tgg tct	12100
	Trp Trp Ala Ile Ala His His Ala Pro Gly Gly Glu Ala Tyr Trp Ser	
	175 180 185	
65		



# DE 102 19 203 A 1

gcg gct ctg aac tca gga gtg cat gtt ctc atg tat gcg tat tac ttc	12148	
Ala Ala Leu Asn Ser Gly Val His Val Leu Met Tyr Ala Tyr Tyr Phe		
190 195 200		5
ttg gct gcc tgc ctt cga agt agc cca aag tta aaa aat aag tac ctt	12196	
Leu Ala Ala Cys Leu Arg Ser Ser Pro Lys Leu Lys Asn Lys Tyr Leu		10
205 210 215		
ttt tgg ggc agg tac ttg aca caa ttc caa atg ttc cag ttt atg ctg	12244	15
Phe Trp Gly Arg Tyr Leu Thr Gln Phe Gln Met Phe Gln Phe Met Leu		
220 225 230		
aac tta gtg cag gct tac tac gac atg aaa acg aat gcg cca tat cca	12292	20
Asn Leu Val Gln Ala Tyr Tyr Asp Met Lys Thr Asn Ala Pro Tyr Pro		
235 240 245 250		25
caa tgg ctg atc aag att ttg ttc tac tac atg atc tcg ttg ctg ttt	12340	
Gln Trp Leu Ile Lys Ile Leu Phe Tyr Tyr Met Ile Ser Leu Leu Phe		30
255 260 265		
ctt ttc ggc aat ttt tac gta caa aaa tac atc aaa ccc tct gac gga	12388	35
Leu Phe Gly Asn Phe Tyr Val Gln Lys Tyr Ile Lys Pro Ser Asp Gly		
270 275 280		
aag caa aag gga gct aaa act gag tga tctagaaggc ctctgtcttt	12435	40
Lys Gln Lys Gly Ala Lys Thr Glu		
285 290		45
aatgagatat gcgagacgcc tatgatcgca tgatatttgc tttcaattct gttgtgcacg	12495	
ttgtaaaaaa cctgagcatg tgtagctcag atccttaccg cgggtttcgg ttcattctaa	12555	50
tgaatatatc acccgttact atcgtatttt tatgaataat attctccggt caatttactg	12615	55
attgtccgtc gagcaaattt acacattgcc actaaacgtc taaacccttg taatttgttt	12675	
ttgttttact atgtgtgtta tgtatttgat ttgcgataaa tttttatatt tgggtactaaa	12735	60
tttataacac cttttatgct aacgtttgcc aacacttagc aatttgcaag ttgattaatt	12795	65

# DE 102 19 203 A 1

gattctaaat tatttttgtc ttctaaatac atatacta at caactggaaa tgtaaatt 12855

5 tgctaattatt tctactatag gagaattaaa gtgagtgaat atggtaccac aaggtttgga 12915

gatttaattg ttgcaatgct gcatggatgg catatacacc aaacattcaa taattcttga 12975

10 ggataataat ggtaccacac aagatttgag gtgcatgaac gtcacgtgga caaaagggtt 13035

15 agtaattttt caagacaaca atgttaccac acacaagttt tgaggtgcat gcatggatgc 13095

cctgtggaaa gtttaaaaat attttggaaa tgatttgc at ggaagccatg tgtaaaacca 13155

20 tgacatccac ttggaggatg caataatgaa gaaaactaca aatttacatg caactagtta 13215

25 tgcatgtagt ctatataatg aggattttgc aatactttca ttcatacaca ctactaagt 13275

tttacacgat tataattttct tcatagccag cggatcc atg gta ttc gcg ggc ggt 13330

30 Met Val Phe Ala Gly Gly  
295

35 gga ctt cag cag ggc tct ctc gaa gaa aac atc gac gtc gag cac att 13378

Gly Leu Gln Gln Gly Ser Leu Glu Glu Asn Ile Asp Val Glu His Ile

300 305 310

40 gcc agt atg tct ctc ttc agc gac ttc ttc agt tat gtg tct tca act 13426

Ala Ser Met Ser Leu Phe Ser Asp Phe Phe Ser Tyr Val Ser Ser Thr

315 320 325

45 gtt ggt tcg tgg agc gta cac agt ata caa cct ttg aag cgc ctg acg 13474

Val Gly Ser Trp Ser Val His Ser Ile Gln Pro Leu Lys Arg Leu Thr

330 335 340 345

50 agt aag aag cgt gtt tcg gaa agc gct gcc gtg caa tgt ata tca gct 13522

Ser Lys Lys Arg Val Ser Glu Ser Ala Ala Val Gln Cys Ile Ser Ala

350 355 360

60 gaa gtt cag aga aat tcg agt acc cag gga act gcg gag gca ctc gca 13570

Glu Val Gln Arg Asn Ser Ser Thr Gln Gly Thr Ala Glu Ala Leu Ala

365 370 375

65

# DE 102 19 203 A 1

gaa tca gtc gtg aag ccc acg aga cga agg tca tct cag tgg aag aag	13618	
Glu Ser Val Val Lys Pro Thr Arg Arg Arg Ser Ser Gln Trp Lys Lys		
380 385 390		5
tcg aca cac ccc cta tca gaa gta gca gta cac aac aag cca agc gat	13666	
Ser Thr His Pro Leu Ser Glu Val Ala Val His Asn Lys Pro Ser Asp		10
395 400 405		
tgc tgg att gtt gta aaa aac aag gtg tat gat gtt tcc aat ttt gcg	13714	15
Cys Trp Ile Val Val Lys Asn Lys Val Tyr Asp Val Ser Asn Phe Ala		
410 415 420 425		
gac gag cat ccc gga gga tca gtt att agt act tat ttt gga cga gac	13762	20
Asp Glu His Pro Gly Gly Ser Val Ile Ser Thr Tyr Phe Gly Arg Asp		
430 435 440		25
ggc aca gat gtt ttc tct agt ttt cat gca gct tct aca tgg aaa att	13810	
Gly Thr Asp Val Phe Ser Ser Phe His Ala Ala Ser Thr Trp Lys Ile		30
445 450 455		
ctt caa gac ttt tac att ggt gac gtg gag agg gtg gag ccg act cca	13858	35
Leu Gln Asp Phe Tyr Ile Gly Asp Val Glu Arg Val Glu Pro Thr Pro		
460 465 470		
gag ctg ctg aaa gat ttc cga gaa atg aga gct ctt ttc ctg agg gag	13906	40
Glu Leu Leu Lys Asp Phe Arg Glu Met Arg Ala Leu Phe Leu Arg Glu		
475 480 485		45
caa ctt ttc aaa agt tcg aaa ttg tac tat gtt atg aag ctg ctc acg	13954	
Gln Leu Phe Lys Ser Ser Lys Leu Tyr Tyr Val Met Lys Leu Leu Thr		50
490 495 500 505		
aat gtt gct att ttt gct gcg agc att gca ata ata tgt tgg agc aag	14002	55
Asn Val Ala Ile Phe Ala Ala Ser Ile Ala Ile Ile Cys Trp Ser Lys		
510 515 520		
act att tca gcg gtt ttg gct tca gct tgt atg atg gct ctg tgt ttc	14050	60
Thr Ile Ser Ala Val Leu Ala Ser Ala Cys Met Met Ala Leu Cys Phe		
525 530 535		65

# DE 102 19 203 A 1

5      caa cag tgc gga tgg cta tcc cat gat ttt ctc cac aat cag gtg ttt      14098  
       Gln Gln Cys Gly Trp Leu Ser His Asp Phe Leu His Asn Gln Val Phe  
       540                      545                      550

10      gag aca cgc tgg ctt aat gaa gtt gtc ggg tat gtg atc ggc aac gcc      14146  
       Glu Thr Arg Trp Leu Asn Glu Val Val Gly Tyr Val Ile Gly Asn Ala  
       555                      560                      565

15      gtt ctg ggg ttt agt aca ggg tgg tgg aag gag aag cat aac ctt cat      14194  
       Val Leu Gly Phe Ser Thr Gly Trp Trp Lys Glu Lys His Asn Leu His  
       570                      575                      580                      585

20      cat gct gct cca aat gaa tgc gat cag act tac caa cca att gat gaa      14242  
       His Ala Ala Pro Asn Glu Cys Asp Gln Thr Tyr Gln Pro Ile Asp Glu  
       590                      595                      600

25      gat att gat act ctc ccc ctc att gcc tgg agc aag gac ata ctg gcc      14290  
       Asp Ile Asp Thr Leu Pro Leu Ile Ala Trp Ser Lys Asp Ile Leu Ala  
       605                      610                      615

30      aca gtt gag aat aag aca ttc ttg cga atc ctc caa tac cag cat ctg      14338  
       Thr Val Glu Asn Lys Thr Phe Leu Arg Ile Leu Gln Tyr Gln His Leu  
       620                      625                      630

35      ttc ttc atg ggt ctg tta ttt ttc gcc cgt ggt agt tgg ctc ttt tgg      14386  
       Phe Phe Met Gly Leu Leu Phe Phe Ala Arg Gly Ser Trp Leu Phe Trp  
       635                      640                      645

40      agc tgg aga tat acc tct aca gca gtg ctc tca cct gtc gac agg ttg      14434  
       Ser Trp Arg Tyr Thr Ser Thr Ala Val Leu Ser Pro Val Asp Arg Leu  
       650                      655                      660                      665

45      ttg gag aag gga act gtt ctg ttt cac tac ttt tgg ttc gtc ggg aca      14482  
       Leu Glu Lys Gly Thr Val Leu Phe His Tyr Phe Trp Phe Val Gly Thr  
       670                      675                      680

50      gcg tgc tat ctt ctc cct ggt tgg aag cca tta gta tgg atg gcg gtg      14530  
       Ala Cys Tyr Leu Leu Pro Gly Trp Lys Pro Leu Val Trp Met Ala Val  
       685                      690                      695

55     

60     

65

# DE 102 19 203 A 1

act gag ctc atg tcc ggc atg ctg ctg ggc ttt gta ttt gta ctt agc	14578	
Thr Glu Leu Met Ser Gly Met Leu Leu Gly Phe Val Phe Val Leu Ser		
700 705 710		5
 cac aat ggg atg gag gtt tat aat tcg tct aaa gaa ttc gtg agt gca	14626	
His Asn Gly Met Glu Val Tyr Asn Ser Ser Lys Glu Phe Val Ser Ala		10
715 720 725		
 cag atc gta tcc aca cgg gat atc aaa gga aac ata ttc aac gac tgg	14674	15
Gln Ile Val Ser Thr Arg Asp Ile Lys Gly Asn Ile Phe Asn Asp Trp		
730 735 740 745		
 ttc act ggt ggc ctt aac agg caa ata gag cat cat ctt ttc cca aca	14722	20
Phe Thr Gly Gly Leu Asn Arg Gln Ile Glu His His Leu Phe Pro Thr		
750 755 760		25
 atg ccc agg cat aat tta aac aaa ata gca cct aga gtg gag gtg ttc	14770	
Met Pro Arg His Asn Leu Asn Lys Ile Ala Pro Arg Val Glu Val Phe		30
765 770 775		
 tgt aag aaa cac ggt ctg gtg tac gaa gac gta tct att gct acc ggc	14818	35
Cys Lys Lys His Gly Leu Val Tyr Glu Asp Val Ser Ile Ala Thr Gly		
780 785 790		
 act tgc aag gtt ttg aaa gca ttg aag gaa gtc gcg gag gct gcg gca	14866	40
Thr Cys Lys Val Leu Lys Ala Leu Lys Glu Val Ala Glu Ala Ala Ala		
795 800 805		45
 gag cag cat gct acc acc agt taa gctagcgtta accctgcttt aatgagatat	14920	
Glu Gln His Ala Thr Thr Ser		50
810 815		
 gcgagacgcc tatgatcgca tgatatttgc tttcaattct gttgtgcacg ttgtaaaaaa	14980	55
cctgagcatg tgtagctcag atccttaccg ccggtttcgg ttcattctaa tgaatatatc	15040	
accggttact atcgtatttt tatgaataat attctccggt caatttactg attgtccgtc	15100	60
gagcaaattt acacattgcc actaaacgct taaacccttg taatttgttt ttgttttact	15160	65

# DE 102 19 203 A 1

atgtgtgtta tgtatttgat ttgcgataaa tttttatatt tggactaaa tttataacac 15220  
 5 cttttatgct aacgtttgcc aacacttagc aatttgcaag ttgattaatt gattctaaat 15280  
 tatttttgtc ttctaaatac atatactaata caactggaaa tgtaaataatt tgctaataatt 15340  
 10 tctactatag gagaattaaa gtgagtgaat atggtaccac aaggtttggg gatttaattg 15400  
 15 ttgcaatgct gcatggatgg catatacacc aaacattcaa taattcttga ggataataat 15460  
 ggtaccacac aagatttgag gtgcatgaac gtcacgtgga caaaagggtt agtaattttt 15520  
 20 caagacaaca atgttaccac acacaagttt tgaggtgcat gcatggatgc cctgtggaaa 15580  
 25 gtttaaaaat attttggaaa tgatttgcac ggaagccatg tgtaaaacca tgacatccac 15640  
 ttggaggatg caataatgaa gaaaactaca aatttacatg caactagtta tgcatttagt 15700  
 30 ctatataatg aggattttgc aatactttca ttcatacaca ctactaagt tttacacgat 15760  
 35 tataatttct tcatagccag cagatctaaa atg gct ccg gat gcg gat aag ctt 15814  
 Met Ala Pro Asp Ala Asp Lys Leu  
 820 825  
 40 cga caa cgc cag acg act gcg gta gcg aag cac aat gct gct acc ata 15862  
 Arg Gln Arg Gln Thr Thr Ala Val Ala Lys His Asn Ala Ala Thr Ile  
 830 835 840  
 45 tcg acg cag gaa cgc ctt tgc agt ctg tct tcg ctc aaa ggc gaa gaa 15910  
 Ser Thr Gln Glu Arg Leu Cys Ser Leu Ser Ser Leu Lys Gly Glu Glu  
 50 845 850 855  
 55 gtc tgc atc gac gga atc atc tat gac ctc caa tca ttc gat cat ccc 15958  
 Val Cys Ile Asp Gly Ile Ile Tyr Asp Leu Gln Ser Phe Asp His Pro  
 860 865 870  
 60 ggg ggt gaa acg atc aaa atg ttt ggt ggc aac gat gtc act gta cag 16006  
 Gly Gly Glu Thr Ile Lys Met Phe Gly Gly Asn Asp Val Thr Val Gln  
 875 880 885  
 65

# DE 102 19 203 A 1

tac aag atg att cac ccg tac cat acc gag aag cat ttg gaa aag atg	16054	
Tyr Lys Met Ile His Pro Tyr His Thr Glu Lys His Leu Glu Lys Met		
890 895 900 905		5
aag cgt gtc ggc aag gtg acg gat ttc gtc tgc gag tac aag ttc gat	16102	
Lys Arg Val Gly Lys Val Thr Asp Phe Val Cys Glu Tyr Lys Phe Asp		10
910 915 920		
acc gaa ttt gaa cgc gaa atc aaa cga gaa gtc ttc aag att gtg cga	16150	
Thr Glu Phe Glu Arg Glu Ile Lys Arg Glu Val Phe Lys Ile Val Arg		15
925 930 935		
cga ggc aag gat ttc ggt act ttg gga tgg ttc ttc cgt gcg ttt tgc	16198	
Arg Gly Lys Asp Phe Gly Thr Leu Gly Trp Phe Phe Arg Ala Phe Cys		20
940 945 950		25
tac att gcc att ttc ttc tac ctg cag tac cat tgg gtc acc acg gga	16246	
Tyr Ile Ala Ile Phe Phe Tyr Leu Gln Tyr His Trp Val Thr Thr Gly		30
955 960 965		
acc tct tgg ctg ctg gcc gtg gcc tac gga atc tcc caa gcg atg att	16294	
Thr Ser Trp Leu Leu Ala Val Ala Tyr Gly Ile Ser Gln Ala Met Ile		35
970 975 980 985		
ggc atg aat gtc cag cac gat gcc aac cac ggg gcc acc tcc aag cgt	16342	
Gly Met Asn Val Gln His Asp Ala Asn His Gly Ala Thr Ser Lys Arg		40
990 995 1000		45
ccc tgg gtc aac gac atg cta ggc ctc ggt gcg gat ttt att ggt ggt	16390	
Pro Trp Val Asn Asp Met Leu Gly Leu Gly Ala Asp Phe Ile Gly Gly		50
1005 1010 1015		
tcc aag tgg ctc tgg cag gaa caa cac tgg acc cac cac gct tac acc	16438	
Ser Lys Trp Leu Trp Gln Glu Gln His Trp Thr His His Ala Tyr Thr		55
1020 1025 1030		
aat cac gcc gag atg gat ccc gat agc ttt ggt gcc gaa cca atg ctc	16486	
Asn His Ala Glu Met Asp Pro Asp Ser Phe Gly Ala Glu Pro Met Leu		60
1035 1040 1045		65

# DE 102 19 203 A 1

	cta ttc aac gac tat ccc ttg gat cat ccc gct cgt acc tgg cta cat	16534
	Leu Phe Asn Asp Tyr Pro Leu Asp His Pro Ala Arg Thr Trp Leu His	
5	1050                                      1055                                      1060                                      1065	
	cgc ttt caa gca ttc ttt tac atg ccc gtc ttg gct gga tac tgg ttg	16582
10	Arg Phe Gln Ala Phe Phe Tyr Met Pro Val Leu Ala Gly Tyr Trp Leu	
	1070                                      1075                                      1080	
15	tcc gct gtc ttc aat cca caa att ctt gac ctc cag caa cgc ggc gca	16630
	Ser Ala Val Phe Asn Pro Gln Ile Leu Asp Leu Gln Gln Arg Gly Ala	
	1085                                      1090                                      1095	
20	ctt tcc gtc ggt atc cgt ctc gac aac gct ttc att cac tcg cga cgc	16678
	Leu Ser Val Gly Ile Arg Leu Asp Asn Ala Phe Ile His Ser Arg Arg	
25	1100                                      1105                                      1110	
	aag tat gcg gtt ttc tgg cgg gct gtg tac att gcg gtg aac gtg att	16726
30	Lys Tyr Ala Val Phe Trp Arg Ala Val Tyr Ile Ala Val Asn Val Ile	
	1115                                      1120                                      1125	
35	gct ccg ttt tac aca aac tcc ggc ctc gaa tgg tcc tgg cgt gtc ttt	16774
	Ala Pro Phe Tyr Thr Asn Ser Gly Leu Glu Trp Ser Trp Arg Val Phe	
	1130                                      1135                                      1140                                      1145	
40	gga aac atc atg ctc atg ggt gtg gcg gaa tcg ctc gcg ctg gcg gtc	16822
	Gly Asn Ile Met Leu Met Gly Val Ala Glu Ser Leu Ala Leu Ala Val	
45	1150                                      1155                                      1160	
	ctg ttt tcg ttg tcg cac aat ttc gaa tcc gcg gat cgc gat ccg acc	16870
50	Leu Phe Ser Leu Ser His Asn Phe Glu Ser Ala Asp Arg Asp Pro Thr	
	1165                                      1170                                      1175	
55	gcc cca ctg aaa aag acg gga gaa cca gtc gac tgg ttc aag aca cag	16918
	Ala Pro Leu Lys Lys Thr Gly Glu Pro Val Asp Trp Phe Lys Thr Gln	
	1180                                      1185                                      1190	
60	gtc gaa act tcc tgc act tac ggt gga ttc ctt tcc ggt tgc ttc acg	16966
	Val Glu Thr Ser Cys Thr Tyr Gly Gly Phe Leu Ser Gly Cys Phe Thr	
65	1195                                      1200                                      1205	



DE 102 19 203 A 1

gga ggt ctc aac ttt cag gtt gaa cac cac ttg ttc cca cgc atg agc 17014  
Gly Gly Leu Asn Phe Gln Val Glu His His Leu Phe Pro Arg Met Ser  
1210 1215 1220 1225

```

agc gct tgg tat ccc tac att gcc ccc aag gtc cgc gaa att tgc gcc      17062
Ser Ala Trp Tyr Pro Tyr Ile Ala Pro Lys Val Arg Glu Ile Cys Ala
          1230                      1235                      1240

```

aaa cac ggc gtc cac tac gcc tac tac ccg tgg atc cac caa aac ttt 17110  
Lys His Gly Val His Tyr Ala Tyr Tyr Pro Trp Ile His Gln Asn Phe  
1245 1250 1255

ctc tcc acc gtc cgc tac atg cac gcg gcc ggg acc ggt gcc aac tgg 17158  
Leu Ser Thr Val Arg Tyr Met His Ala Ala Gly Thr Gly Ala Asn Trp  
1260 1265 1270

cgc cag atg gcc aga gaa aat ccc ttg acc gga cgg gcg taa 17200  
Arg Gln Met Ala Arg Glu Asn Pro Leu Thr Gly Arg Ala  
1275 1280 1285

agatctgccg gcatcgatcc cgggccatgg cctgctttaa tgagatatgc gagacgccta 17260

tgatcgcattg atatttgctt tcaattctgt tgtgcacggt gtaaaaaacc tgagcatgtg 17320

tagctcagat ccttaccgcc ggtttcggtt cattctaataa aatatatcac ccggttactat 17380

cgtatTTTTta tgaataatat tctccgttca atttactgat tgtccgtcga cgagctcggc 17440

gcgccctctag aggatcgatg aattcagatc ggctgagtgg ctccttcaac gttgcgggttc 17500

tgtcagttcc aaacgtaaaa cggcttgccc cgcgtcatcg gcgggggtca taacgtgact 17560

cccttaattc tccgctcatg atcagattgt cgtttccgcg cttcagttta aactatcagt 17620

gtttgacagg atatattggc gggtaaacct aagagaaaag agcgtttatt agaataatcg 17680

gatatttaaa agggcgtgaa aaggtttatc cttcgtccat ttgtatgtgc atgccaacca 17740

cagggttccc ca 17752

# DE 102 19 203 A 1

<210> 47

<211> 290

5 <212> PRT

<213> Unknown

10 <400> 47

Met Glu Val Val Glu Arg Phe Tyr Gly Glu Leu Asp Gly Lys Val Ser  
1 5 10 15

15

Gln Gly Val Asn Ala Leu Leu Gly Ser Phe Gly Val Glu Leu Thr Asp  
20 25 30

20

Thr Pro Thr Thr Lys Gly Leu Pro Leu Val Asp Ser Pro Thr Pro Ile  
35 40 45

25

Val Leu Gly Val Ser Val Tyr Leu Thr Ile Val Ile Gly Gly Leu Leu  
50 55 60

30

Trp Ile Lys Ala Arg Asp Leu Lys Pro Arg Ala Ser Glu Pro Phe Leu  
65 70 75 80

35

Leu Gln Ala Leu Val Leu Val His Asn Leu Phe Cys Phe Ala Leu Ser  
85 90 95

40

Leu Tyr Met Cys Val Gly Ile Ala Tyr Gln Ala Ile Thr Trp Arg Tyr  
100 105 110

45

Ser Leu Trp Gly Asn Ala Tyr Asn Pro Lys His Lys Glu Met Ala Ile  
115 120 125

50

Leu Val Tyr Leu Phe Tyr Met Ser Lys Tyr Val Glu Phe Met Asp Thr  
130 135 140

55

Val Ile Met Ile Leu Lys Arg Ser Thr Arg Gln Ile Ser Phe Leu His  
145 150 155 160

60

Val Tyr His His Ser Ser Ile Ser Leu Ile Trp Trp Ala Ile Ala His  
165 170 175

65

# DE 102 19 203 A 1

His Ala Pro Gly Gly Glu Ala Tyr Trp Ser Ala Ala Leu Asn Ser Gly  
180 185 190

Val His Val Leu Met Tyr Ala Tyr Tyr Phe Leu Ala Ala Cys Leu Arg  
195 200 205

Ser Ser Pro Lys Leu Lys Asn Lys Tyr Leu Phe Trp Gly Arg Tyr Leu  
210 215 220

Thr Gln Phe Gln Met Phe Gln Phe Met Leu Asn Leu Val Gln Ala Tyr  
225 230 235 240

Tyr Asp Met Lys Thr Asn Ala Pro Tyr Pro Gln Trp Leu Ile Lys Ile  
245 250 255

Leu Phe Tyr Tyr Met Ile Ser Leu Leu Phe Leu Phe Gly Asn Phe Tyr  
260 265 270

Val Gln Lys Tyr Ile Lys Pro Ser Asp Gly Lys Gln Lys Gly Ala Lys  
275 280 285

Thr Glu  
290

<210> 48

<211> 525

<212> PRT

<213> Unknown

<400> 48

Met Val Phe Ala Gly Gly Gly Leu Gln Gln Gly Ser Leu Glu Glu Asn  
1 5 10 15

Ile Asp Val Glu His Ile Ala Ser Met Ser Leu Phe Ser Asp Phe Phe  
20 25 30

Ser Tyr Val Ser Ser Thr Val Gly Ser Trp Ser Val His Ser Ile Gln  
35 40 45

# DE 102 19 203 A 1

Pro	Leu	Lys	Arg	Leu	Thr	Ser	Lys	Lys	Arg	Val	Ser	Glu	Ser	Ala	Ala	
	50					55					60					
5																
Val	Gln	Cys	Ile	Ser	Ala	Glu	Val	Gln	Arg	Asn	Ser	Ser	Thr	Gln	Gly	
	65				70				75						80	
10																
Thr	Ala	Glu	Ala	Leu	Ala	Glu	Ser	Val	Val	Lys	Pro	Thr	Arg	Arg	Arg	
				85					90					95		
15																
Ser	Ser	Gln	Trp	Lys	Lys	Ser	Thr	His	Pro	Leu	Ser	Glu	Val	Ala	Val	
			100					105					110			
20																
His	Asn	Lys	Pro	Ser	Asp	Cys	Trp	Ile	Val	Val	Lys	Asn	Lys	Val	Tyr	
		115					120					125				
25																
Asp	Val	Ser	Asn	Phe	Ala	Asp	Glu	His	Pro	Gly	Gly	Ser	Val	Ile	Ser	
	130					135					140					
30																
Thr	Tyr	Phe	Gly	Arg	Asp	Gly	Thr	Asp	Val	Phe	Ser	Ser	Phe	His	Ala	
	145				150					155					160	
35																
Ala	Ser	Thr	Trp	Lys	Ile	Leu	Gln	Asp	Phe	Tyr	Ile	Gly	Asp	Val	Glu	
				165					170					175		
40																
Arg	Val	Glu	Pro	Thr	Pro	Glu	Leu	Leu	Lys	Asp	Phe	Arg	Glu	Met	Arg	
			180					185					190			
45																
Ala	Leu	Phe	Leu	Arg	Glu	Gln	Leu	Phe	Lys	Ser	Ser	Lys	Leu	Tyr	Tyr	
		195					200					205				
50																
Val	Met	Lys	Leu	Leu	Thr	Asn	Val	Ala	Ile	Phe	Ala	Ala	Ser	Ile	Ala	
	210					215					220					
55																
Ile	Ile	Cys	Trp	Ser	Lys	Thr	Ile	Ser	Ala	Val	Leu	Ala	Ser	Ala	Cys	
	225				230					235					240	
60																
Met	Met	Ala	Leu	Cys	Phe	Gln	Gln	Cys	Gly	Trp	Leu	Ser	His	Asp	Phe	
				245					250					255		
65																
Leu	His	Asn	Gln	Val	Phe	Glu	Thr	Arg	Trp	Leu	Asn	Glu	Val	Val	Gly	

# DE 102 19 203 A 1

260	265	270	
Tyr Val Ile Gly Asn Ala Val Leu Gly Phe Ser Thr Gly Trp Trp Lys			5
275	280	285	
Glu Lys His Asn Leu His His Ala Ala Pro Asn Glu Cys Asp Gln Thr			10
290	295	300	
Tyr Gln Pro Ile Asp Glu Asp Ile Asp Thr Leu Pro Leu Ile Ala Trp			15
305	310	315	320
Ser Lys Asp Ile Leu Ala Thr Val Glu Asn Lys Thr Phe Leu Arg Ile			20
325	330	335	
Leu Gln Tyr Gln His Leu Phe Phe Met Gly Leu Leu Phe Phe Ala Arg			25
340	345	350	
Gly Ser Trp Leu Phe Trp Ser Trp Arg Tyr Thr Ser Thr Ala Val Leu			30
355	360	365	
Ser Pro Val Asp Arg Leu Leu Glu Lys Gly Thr Val Leu Phe His Tyr			35
370	375	380	
Phe Trp Phe Val Gly Thr Ala Cys Tyr Leu Leu Pro Gly Trp Lys Pro			40
385	390	395	400
Leu Val Trp Met Ala Val Thr Glu Leu Met Ser Gly Met Leu Leu Gly			45
405	410	415	
Phe Val Phe Val Leu Ser His Asn Gly Met Glu Val Tyr Asn Ser Ser			50
420	425	430	
Lys Glu Phe Val Ser Ala Gln Ile Val Ser Thr Arg Asp Ile Lys Gly			55
435	440	445	
Asn Ile Phe Asn Asp Trp Phe Thr Gly Gly Leu Asn Arg Gln Ile Glu			60
450	455	460	
His His Leu Phe Pro Thr Met Pro Arg His Asn Leu Asn Lys Ile Ala			65
465	470	475	480

# DE 102 19 203 A 1

Pro Arg Val Glu Val Phe Cys Lys Lys His Gly Leu Val Tyr Glu Asp  
485 490 495

5  
Val Ser Ile Ala Thr Gly Thr Cys Lys Val Leu Lys Ala Leu Lys Glu  
500 505 510

10  
Val Ala Glu Ala Ala Ala Glu Gln His Ala Thr Thr Ser  
515 520 525

15  
<210> 49  
20 <211> 469  
<212> PRT  
<213> Unknown

25  
<400> 49  
Met Ala Pro Asp Ala Asp Lys Leu Arg Gln Arg Gln Thr Thr Ala Val  
30 1 5 10 15

Ala Lys His Asn Ala Ala Thr Ile Ser Thr Gln Glu Arg Leu Cys Ser  
35 20 25 30

Leu Ser Ser Leu Lys Gly Glu Glu Val Cys Ile Asp Gly Ile Ile Tyr  
40 35 40 45

Asp Leu Gln Ser Phe Asp His Pro Gly Gly Glu Thr Ile Lys Met Phe  
45 50 55 60

Gly Gly Asn Asp Val Thr Val Gln Tyr Lys Met Ile His Pro Tyr His  
50 65 70 75 80

Thr Glu Lys His Leu Glu Lys Met Lys Arg Val Gly Lys Val Thr Asp  
55 85 90 95

Phe Val Cys Glu Tyr Lys Phe Asp Thr Glu Phe Glu Arg Glu Ile Lys  
60 100 105 110

Arg Glu Val Phe Lys Ile Val Arg Arg Gly Lys Asp Phe Gly Thr Leu  
65 115 120 125

# DE 102 19 203 A 1

Gly Trp Phe Phe Arg Ala Phe Cys Tyr Ile Ala Ile Phe Phe Tyr Leu  
130 135 140

Gln Tyr His Trp Val Thr Thr Gly Thr Ser Trp Leu Leu Ala Val Ala  
145 150 155 160

Tyr Gly Ile Ser Gln Ala Met Ile Gly Met Asn Val Gln His Asp Ala  
165 170 175

Asn His Gly Ala Thr Ser Lys Arg Pro Trp Val Asn Asp Met Leu Gly  
180 185 190

Leu Gly Ala Asp Phe Ile Gly Gly Ser Lys Trp Leu Trp Gln Glu Gln  
195 200 205

His Trp Thr His His Ala Tyr Thr Asn His Ala Glu Met Asp Pro Asp  
210 215 220

Ser Phe Gly Ala Glu Pro Met Leu Leu Phe Asn Asp Tyr Pro Leu Asp  
225 230 235 240

His Pro Ala Arg Thr Trp Leu His Arg Phe Gln Ala Phe Phe Tyr Met  
245 250 255

Pro Val Leu Ala Gly Tyr Trp Leu Ser Ala Val Phe Asn Pro Gln Ile  
260 265 270

Leu Asp Leu Gln Gln Arg Gly Ala Leu Ser Val Gly Ile Arg Leu Asp  
275 280 285

Asn Ala Phe Ile His Ser Arg Arg Lys Tyr Ala Val Phe Trp Arg Ala  
290 295 300

Val Tyr Ile Ala Val Asn Val Ile Ala Pro Phe Tyr Thr Asn Ser Gly  
305 310 315 320

Leu Glu Trp Ser Trp Arg Val Phe Gly Asn Ile Met Leu Met Gly Val  
325 330 335

# DE 102 19 203 A 1

Ala Glu Ser Leu Ala Leu Ala Val Leu Phe Ser Leu Ser His Asn Phe  
 340 345 350

5

Glu Ser Ala Asp Arg Asp Pro Thr Ala Pro Leu Lys Lys Thr Gly Glu  
 355 360 365

10

Pro Val Asp Trp Phe Lys Thr Gln Val Glu Thr Ser Cys Thr Tyr Gly  
 370 375 380

15

Gly Phe Leu Ser Gly Cys Phe Thr Gly Gly Leu Asn Phe Gln Val Glu  
 385 390 395 400

20

His His Leu Phe Pro Arg Met Ser Ser Ala Trp Tyr Pro Tyr Ile Ala  
 405 410 415

25

Pro Lys Val Arg Glu Ile Cys Ala Lys His Gly Val His Tyr Ala Tyr  
 420 425 430

30

Tyr Pro Trp Ile His Gln Asn Phe Leu Ser Thr Val Arg Tyr Met His  
 435 440 445

35

Ala Ala Gly Thr Gly Ala Asn Trp Arg Gln Met Ala Arg Glu Asn Pro  
 450 455 460

40

Leu Thr Gly Arg Ala  
 465

45

<210> 50

<211> 26

50

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

55

<220>

<223> Polylinker

60

<400> 50

gaattcggcg cgccgagctc ctcgag

26

65



# DE 102 19 203 A 1

<210> 51  
 <211> 265  
 <212> DNA  
 <213> Artificial Sequence

<220>  
 <223> Polylinker-Terminator-Polylinker

<400> 51  
 ccaccgcggt gggcggccgc ctgcagtcta gaaggcctcc tgctttaatg agatatgcga 60  
 gacgcctatg atcgcatgat atttgctttc aattctgttg tgcacgttgt aaaaaacctg 120  
 agcatgtgta gctcagatcc ttaccgccgg ttccggttca ttctaataa tatatcacc 180  
 gttactatcg tatttttatg aataatattc tccgttcaat ttactgattg tccgtcgacg 240  
 aattcgagct cggcgcgcca agctt 265

<210> 52  
 <211> 257  
 <212> DNA  
 <213> Artificial Sequence

<220>  
 <223> Polylinker-Terminator-Polylinker

<400> 52  
 ggatccgata tcgggccgc tagcgtaa cctgctttaa tgagatatgc gagacgccta 60  
 tgatcgcatg atatttgctt tcaattctgt tgtgcacgtt gtaaaaaacc tgagcatgtg 120  
 tagctcagat ccttaccgcc ggtttcggtt cattctaata aatatcac cgtttactat 180  
 cgtattttta tgaataatat tctccgttca atttactgat tgtccgtcga cgaattcgag 240  
 ctccggcggc caagctt 257

&lt;210&gt; 53

&lt;211&gt; 257

5 &lt;212&gt; DNA

&lt;213&gt; Artificial Sequence

10 &lt;220&gt;

&lt;223&gt; Polylinker-Terminator-Polylinker

15 &lt;400&gt; 53

agatctgccg gcatcgatcc cgggccatgg cctgctttaa tgagatatgc gagacgccta 60

20 tgatcgcgatg atatttgctt tcaattctgt tgtgcacgtt gtaaaaaacc tgagcatgtg 120

tagctcagat ccttaccgcc ggtttcgggtt cattctaattg aatatatcac ccgttactat 180

25

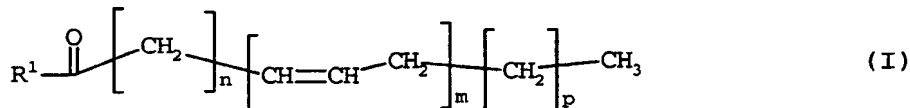
cgtattttta tgaataatat tctccgttca atttactgat tgtccgtcga cgaattcgag 240

30 ctcggcgcgcg caagctt

257

## Patentansprüche

35 1. Verfahren zur Herstellung von Verbindungen der allgemeinen Formel I:



40

in transgenen Pflanzen mit einem Gehalt von mindestens 1 Gew.-% bezogen auf die gesamten Fettsäuren **dadurch gekennzeichnet**, dass das Verfahren folgende Schritte umfasst:

45

- Einbringen mindestens einer Nukleinsäuresequenz in eine Pflanze, die für ein Polypeptid mit einer  $\Delta$ -6-Desaturaseaktivität codiert; sowie
- Einbringen mindestens einer zweiten Nukleinsäuresequenz, die für ein Polypeptid mit einer  $\Delta$ -6-Elongaseaktivität codiert; und
- gegebenenfalls Einbringen einer dritten Nukleinsäuresequenz, die für ein Polypeptid mit einer  $\Delta$ -5-Desaturaseaktivität codiert; und
- anschließend kultivieren und ernten der Pflanzen; und

50

wobei die Variablen und Substituenten in der Formeln I folgende Bedeutung haben:

$R^1 = -\text{OH}$ , Coenzym A-(Thioester), Phosphatidylcholin-, Phosphatidylethanolamin-, Phosphatidylglycerol-, Diphosphatidylglycerol-, Phosphatidylserin-, Phosphatidylinositol-, Sphingolipid-, Glycosingolipid- oder einen Rest der folgenden allgemeinen Formel II

55



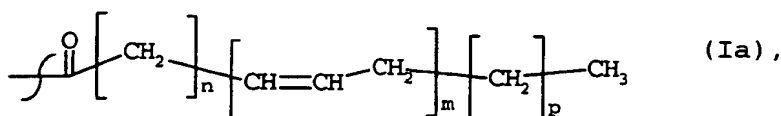
60

$R^2 = \text{H}$ , Phosphatidylcholin-, Phosphatidylethanolamin-, Phosphatidylglycerol-, Diphosphatidylglycerol-, Phosphatidylserin-, Phosphatidylinositol-, Shingolipid-, Glycosingolipid-, Glycosingolipid- oder gesättigtes oder ungesättigtes  $\text{C}_2$ - $\text{C}_{24}$ -Alkylcarbonyl-,

65

$R^3 = \text{H}$ , gesättigtes oder ungesättigtes  $\text{C}_2$ - $\text{C}_{24}$ -Alkylcarbonyl-, oder

$R^2$  und  $R^3$  unabhängig voneinander einen Rest der allgemeinen Formel Ia



$n = 3, 4$  oder  $6$ ,  $m = 3, 4$  oder  $5$  und  $p = 0$  oder  $3$ .

2. Verfahren nach Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet, dass die Substituenten  $R^2$  und  $R^3$  unabhängig voneinander  $C_{10}$ - $C_{22}$ -Alkylcarbonyl- bedeuten.

3. Verfahren nach Anspruch 1 oder 2, dadurch gekennzeichnet, dass die Substituenten  $R^2$  und  $R^3$  unabhängig voneinander  $C_{16}$ -,  $C_{18}$ -,  $C_{20}$ - oder  $C_{22}$ -Alkylcarbonyl- bedeuten.

4. Verfahren nach den Ansprüchen 1 bis 3, dadurch gekennzeichnet, dass die Substituenten  $R^2$  und  $R^3$  unabhängig voneinander ungesättigtes  $C_{16}$ -,  $C_{18}$ -,  $C_{20}$ - oder  $C_{22}$ -Alkylcarbonyl- mit ein, Zwei, drei, vier oder fünf Doppelbindungen bedeuten.

5. Verfahren nach den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, dass die transgene Pflanze eine Ölfruchtpflanze ist.

6. Verfahren nach den Ansprüchen 1 bis 5, dadurch gekennzeichnet, dass die transgene Pflanze ausgewählt aus der Gruppe Soja, Erdnuss, Raps, Canola, Lein, Nachtkerze, Königskerze, Distel, Haselnuss, Mandel, Macadamia, Avocado, Lorbeer, Wildrosen, Kürbis, Pistazien, Sesam, Sonnenblume, Färberdistel, Borretsch, Mais, Mohn, Senf, Hanf, Rhizinus, Olive, Calendula, Punica, Ölpalme, Walnuss oder Kokosnuß ist.

7. Verfahren nach den Ansprüchen 1 bis 6, dadurch gekennzeichnet, dass die Verbindungen der Formel I durch Pressen oder Extraktion aus den transgenen Pflanzen in Form ihrer Öle, Fette, Lipide oder freien Fettsäuren gewonnen werden.

8. Verfahren nach den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, dass die gemäß Anspruch 7 gewonnenen Öle, Fette, Lipide oder freien Fettsäuren raffiniert werden.

9. Verfahren nach den Ansprüchen 1 bis 8, dadurch gekennzeichnet, dass man die in den Verbindungen der Formel I enthaltenden gesättigten oder ungesättigten Fettsäuren freisetzt.

10. Verfahren nach den Ansprüchen 1 bis 9, dadurch gekennzeichnet, dass die gesättigten oder ungesättigten Fettsäuren über ein alkalische Hydrolyse oder eine enzymatische Abspaltung freigesetzt werden.

11. Verfahren nach den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, dass die Verbindungen der allgemeinen Formel I in den transgenen Pflanzen mit einem Gehalt von mindestens 5 Gew.-% bezogen auf die gesamten Fettsäuren enthalten sind.

12. Verfahren nach den Ansprüchen 1 bis 11, dadurch gekennzeichnet, dass, die für die Polypeptide mit einer  $\Delta$ -6-Desaturaseaktivität,  $\Delta$ -6-Elongaseaktivität oder  $\Delta$ -5-Desaturaseaktivität codierenden Nukleinsäuresequenzen, ausgewählt aus der Gruppe sind:

a) einer Nukleinsäuresequenz mit der in SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 29 oder SEQ ID NO: 31 dargestellten Sequenz,

b) Nukleinsäuresequenzen, die aufgrund des degenerierten genetischen Codes durch Rückübersetzung der in SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 30 oder SEQ ID NO: 32 dargestellten Aminosäuresequenzen erhalten werden,

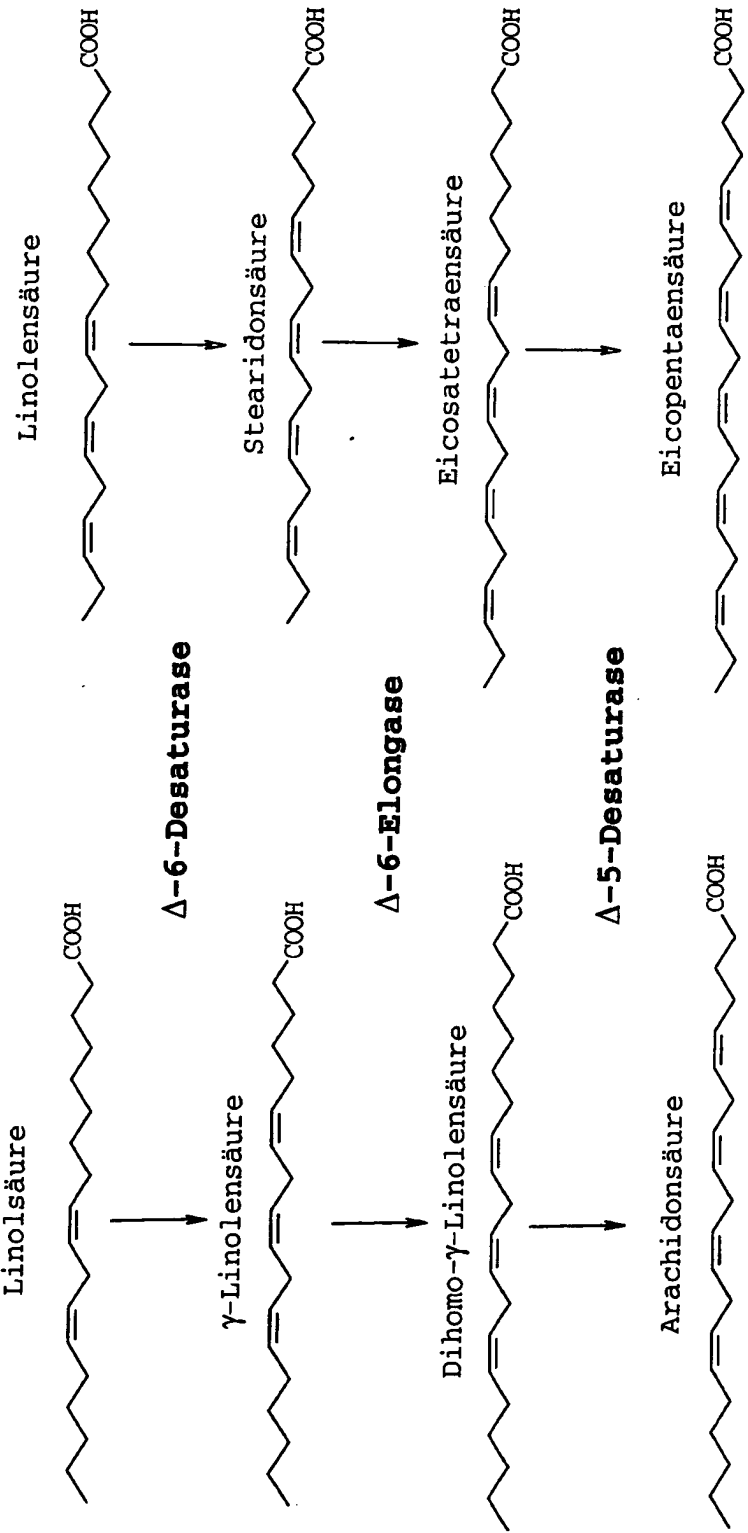
c) Derivate der in SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 29 oder SEQ ID NO: 31 dargestellten Nukleinsäuresequenz, die für Polypeptide mit der in SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 30 oder SEQ ID NO: 32 dargestellten Aminosäuresequenzen codieren und mindestens 50% Homologie auf Aminosäureebene aufweisen, ohne daß die enzymatische Wirkung der Polypeptide wesentlich reduziert ist.

13. Verfahren nach den Ansprüchen 1 bis 12, dadurch gekennzeichnet, dass die Nukleinsäuresequenzen gemäß Anspruch 8 in einem Nukleinsäurekonstrukt mit einem oder mehreren Regulationssignalen verknüpft sind.

14. Verfahren nach den Ansprüchen 1 bis 13, dadurch gekennzeichnet, dass das Nukleinsäurekonstrukt zusätzliche Biosynthesegene des Fettsäure- oder Lipidstoffwechsels enthält ausgewählt aus der Gruppe Acyl-CoA-Dehydrogenase(n), Acyl-ACP[= acyl carrier protein]-Desaturase(n), Acyl-ACP-Thioesterase(n), Fettsäure-Acyl-Transferase(n), Fettsäure-Synthase(n), Fettsäure-Hydroxylase(n), Acetyl-Coenzym A-Carboxylase(n), Acyl-Coenzym A-Oxidase(n), Fettsäure-Desaturase(n), Fettsäure-Acetylasen, Lipoxxygenasen, Triacylglycerol-Lipasen, Allenoxid-Synthasen, Hydroperoxid-Lyase(n) oder Fettsäure-Elongase(n).

Hierzu 3 Seite(n) Zeichnungen

Figur 1: Biosynthesekette



Figur 2: Fettsäureprofil von transgenen Tabaksamen

